## SEQUENCE LISTING

	<1	10>	Tayl	or,	Alex	ande	r H									
			Mono			ntib	odie	s wi	th F	teduc	ed					
	<1	30>	P507	70												
	<1	50>	60/0	183,3	67											
	<1	51>	1998	-04-	28											
	<1	.60>	97													
	<1	.70>	Fast	SEQ	for	Wind	lows	Vers	ion	3.0						
	<2	10>	1													
	<2	11>	429													
	<2	12>	DNA													
	<2	13>	Pan	trog	lody	rtes										
	<2	20>														
	<2	21>	CDS													
	<2	222>	(1).	(4	129)											
		100>														
								_		gtg		-				48
Mec 1	Lys	nis	Leu	5	Pne	rne	Leu	Leu	10	Val	Ата	Ala	PIO	15	пр	
_				,					10					13		
gtc	ctg	tcc	cag	gtg	cag	ttg	cag	gag	tcg	ggc	cca	gga	ctg	gtg	aag	96
Val	Leu	Ser	Gln	Val	Gln	Leu	Gln	Glu	Ser	Gly	Pro	Gly	Leu	Val	Lys	
			20					25					30			
cct	tca	caq	acc	tta	tec	cta	acc	tac	act	gtg	tet	aat	aac	tec	atc	144

		35					40					45				
act	agt	gct	tac	tac	tat	tgg	agc	tgg	atc	cgc	cag	tca	cca	ggg	aag	192
Thr	Ser	Ala	Tyr	Tyr	Tyr	Trp	Ser	Trp	Ile	Arg	Gln	Ser	Pro	Gly	Lys	
	50					55					60					
gga	ctg	gag	tgg	att	ggg	agt	atc	tat	tat	agt	ggg	acc	att	ttc	tcc	240
Gly	Leu	Glu	Trp	Ile	Gly	Ser	Ile	Tyr	Tyr	Ser	Gly	Thr	Ile	Phe	Ser	
65					70					75					80	
aac	cca	tcc	ctc	aag	agt	cga	gtc	gcc	atg	tca	gta	ggc	acg	tcc	aag	288
Asn	Pro	Ser	Leu	Lys	Ser	Arg	Val	Ala	Met	Ser	Val	Gly	Thr	Ser	Lys	
				85					90					95		
acc	cag	ttc	tcc	ctg	agc	ttg	agt	tct	gtg	acc	gcc	gcg	gac	acg	gcc	336
Thr	Gln	Phe	Ser	Leu	Ser	Leu	Ser	Ser	Val	Thr	Ala	Ala	Asp	Thr	Ala	
			100					105					1.1.0			
gtg	tac	tac	tgt	gcg	aga	ggt	ctg	ctc	ctc	acc	att	gga	ctg	acc	aac	384
Val	Tyr	Tyr	Cys	Ala	Arg	${\tt Gl}_{\tt Y}$	Leu	Leu	Leu	Thr	I1e	Gly	Leu	Thr	Asn	
		115					120					125				
											gtc					429
Tyr		Phe	Asp	Tyr	Trp	Gly	Pro	Gly	Thr	Leu	Val	Thr	Va1	Phe		
	130					135					140					
		10>														
		11>														
		112>														
	<2	13>	Pan	trog	lody	tes										
		20>														
	<2	21>	CDS													

<400> 2

<222> (1)...(414)

atg	aaa	cac	ctg	tgg	ttc	ttc	ctc	ctg	ctg	gtg	gca	gct	ccc	aga	tgg	48
Met	Lys	His	Leu	Trp	Phe	Phe	Leu	Leu	Leu	Val	Ala	Ala	Pro	Arg	Trp	
1				5					10					15		
gtc	ctg	tcc	cag	gtg	cag	cta	cag	gag	tcg	ggc	cca	gga	cta	gtg	aag	96
Val	Leu	Ser	Gln	Val	Gln	Leu	Gln	Glu	Ser	Gly	Pro	Gly	Leu	Val	Lys	
			20					25					30			
ccg	tca	cag	acc	ctg	tcc	ctc	acc	tgc	ggt	gtc	tct	ggt	gcc	tcc	atc	144
Pro	Ser	Gln	Thr	Leu	Ser	Leu	Thr	Cys	Gly	Val	Ser	Gly	Ala	Ser	Ile	
		35					40					45				
aat	agt	ggt	gtt	cat	tac	tgg	gcc	tgg	ata	cgc	cag	cct	gca	gga	aag	192
Asn	Ser	Gly	Val	His	Tyr	Trp	Ala	Trp	Ile	Arg	Gln	Pro	Ala	Gly	Lys	
	50					55					60					
gga	ctg	gag	tgg	att	ggc	aat	atc	tat	cat	agt	ggg	agc	gcc	tac	tac	240
Gly	Leu	Glu	Trp	Ile	Gly	Asn	Ile	Tyr	His	Ser	Gly	Ser	Ala	Tyr	Tyr	
65					70					75					80	
act	cca	tcc	ctc	gag	agt	cga	gtc	tcc	atg	tca	ata	gag	acg	tcc	aag	288
Thr	Pro	Ser	Leu	Glu	Ser	Arg	Val	Ser	Met	Ser	Ile	Glu	Thr	Ser	Lys	
				85					90					95		
agc	cag	ttc	ttc	cta	aac	tta	aat	tct	ctg	acc	gcc	gcg	gac	acg	gct	336
Ser	Gln	Phe	Phe	Leu	Asn	Leu	Asn	Ser	Leu	Thr	Ala	Ala	Asp	Thr	Ala	
			100					105					110			
atc	tat	tat	tgt	gcg	aga	cga	cat	act	tcg	tca	gac	tac	ttt	gac	ttt	384
Ile	Tyr	Tyr	Cys	Ala	Arg	Arg	His	Thr	Ser	Ser	Asp	Tyr	Phe	Asp	Phe	
		115					120					125				
			gga													414
Trp	Gly	Arg	Gly	Ile	Leu	Val	Ile	Val	Ser							
	130					135										

<210> 3 <211> 427 <212> DNA <213> Pan troglodytes <220> <221> CDS <222> (1) ... (427) <400> 3 atg ggg tca acc gcc atc ctc gcc ctc ctc ctg gct gtt ctc gaa gga 48 Met Gly Ser Thr Ala Ile Leu Ala Leu Leu Leu Ala Val Leu Glu Gly 1 5 10 15 gtc cgt gca gac gtg cag ctg gtg cag tcc gga gca gag gtg aaa aag 96 Val Arg Ala Asp Val Gln Leu Val Gln Ser Glv Ala Glu Val Lvs Lvs 20 25 30 ccc ggg gag tot ctg aag atc tcc tgt aag gtc tct gga aat gaa ttt Pro Gly Glu Ser Leu Lys Ile Ser Cys Lys Val Ser Gly Asn Glu Phe 35 40 45 acc aac tac tgg atc gcc tgg gtg cgc cag atg tcc ggg aaa ggc ctg 192 Thr Asn Tyr Trp Ile Ala Trp Val Arg Gln Met Ser Gly Lys Gly Leu 50 55 gag tgg atg ggg age atc tat cct ggt gac tct gat acc aga tac aac 240 Glu Trp Met Gly Ser Ile Tyr Pro Gly Asp Ser Asp Thr Arg Tyr Asn 65 70 75 ccg tcc ttc caa ggc caa gtc acc ttt tca gcc qac aaq tcc atc acc 288 Pro Ser Phe Gln Gly Gln Val Thr Phe Ser Ala Asp Lys Ser Ile Thr 85 90 95 acc gcc tat ttg cag tgg agt agt ctg gag gcc tcg gac acc gcc atg 336 Thr Ala Tyr Leu Gln Trp Ser Ser Leu Glu Ala Ser Asp Thr Ala Met

110

tac	tac	tgt	gcg	ago	cga	aat	cac	ttt	gtt	ttc	ggg	gaa	gtt	att	act	384
Tyr	Tyr	Cys	A1a	Ser	Arg	Asn	His	Phe	Va1	Phe	Gly	G1u	Va1	Ile	Thr	
		115					120					125				
act	ttg	acg	gct	ggg	gcc	agg	gaa	acc	ctg	ggt	cac	cgt	ctc	С		427
Thr	Leu	Thr	Ala	Gly	Ala	Arg	Glu	Thr	Leu	Gly	His	Arg	Leu			
	130					135					140					
		210>														
		211>														
			DNA													
	<	213>	Pan	tro	glod	ytes										
		220>														
		221>														
	٠.	424>	(1)	(	402)											
	<	400>	4													
tta				taa	att	ttc	ctt	att	aat							4.0
						Phe										48
1			_	5				val	10	1116	Leu	GIU	GIY	15	GIII	
														13		
tgt	gag	gta	cag	ctg	gtg	gag	tct	ggg	gga	ggc	ttq	gta	cag	cct	aaa	96
						G1u										
			20					25		-			30		2	
ggg	tcc	ttg	aca	ctc	tcc	tgt	gca	gcc	tct	gga	ttc	acc	ttc	agt	agg	144
						Cys										
		35					40					4.5				
agt	ggc	atg	cac	tgg	gtc	cgc	cag	gct	сса	ggg	aag	gga	ctg	ggg	tgg	192
Ser	Gly	Met	His	Trp	Va1	Arg	Gln	Ala	Pro	Gly	Lys	G1y	Leu	Gly	Trp	
	50					55					60					
ctt	gca	tac	att	gat	tat	ggc	agt	att	ttc	ata	tac	tac	tcg	gac	tca	240

Leu	Ala	Tyr	Ile	Asp	Tyr	Gly	Ser	Ile	Phe	Ile	Tyr	Tyr	Ser	Asp	Ser	
65					70					75					80	
gtg	aag	ggc	cgc	ttc	acc	atc	tcc	aga	gac	aac	gcc	aag	aat	tca	ctc	288
Val	Lys	G1y	Arg	Phe	Thr	Ile	Ser	Arg	Asp	Asn	Ala	Lys	Asn	Ser	Leu	
				85					90					95		
tat	ctg	caa	atg	aac	agc	ctg	aga	gcc	gac	gac	acg	gct	ttt	tat	tac	336
Tyr	Leu	G1n	Met	Asn	Ser	Leu	Arg	A1a	Asp	Asp	Thr	Ala	Phe	Tyr	Tyr	
			100					105					110			
tgt	acg	acc	cat	aat	tgg	ggg	gag	tta	act	gac	tac	tgg	ggc	cag	gga	384
Cys	Thr	Thr	His	Asn	Trp	Gly	Glu	Leu	Thr	Asp	Tyr	Trp	Gly	Gln	Gly	
		115					120					125				
acc	ctg	gtc	acc	gtc	tcc											402
Thr	Leu	Val	Thr	Va1	Ser											
	130															
	<2	210>	5													
		210>														
	<2		408													
	<2 <2	211> 212>	408	trog	ılody	vtes										
	<2 <2	211> 212>	408 DNA	trog	ılody	rtes										
	<2 <2 <2	211> 212>	408 DNA	troc	ılody	rtes										
	<2 <2 <2 <2	211> 212> 213>	408 DNA Pan	trog	ılody	rtes										
	<2 <2 <2 <2 <2 <2	211> 212> 213> 220> 221>	408 DNA Pan			rtes										
	<2 <2 <2 <2 <2 <2	211> 212> 213> 220> 221>	408 DNA Pan CDS			rtes										
	<2 <2 <2 <2 <2 <2 <2	211> 212> 213> 220> 221>	408 DNA Pan CDS			tes/										
atg	<2 <2 <2 <2 <2 <2 <2	211> 212> 213> 220> 221> 222>	408 DNA Pan CDS	(4	108)		gtt	ttc	ctt	gtt	gct	ttt	tta	gaa	ggt	48
	<2 <2 <2 <2 <2 <2 <2 <2	211> 212> 213> 220> 221> 222> 400> ttg	408 DNA Pan CDS (1).	(4	(08)	tgg										48
	<2 <2 <2 <2 <2 <2 <2 <2	211> 212> 213> 220> 221> 222> 400> ttg	408 DNA Pan CDS (1).	(4	(08)	tgg										48
Met	<2 <2 <2 <2 <2 <2 <2 <2	211> 212> 213> 220> 221> 222> 400> ttg	408 DNA Pan CDS (1).	ctc Leu	(08)	tgg			Leu					Glu		48
Met 1	<22 <22 <22 <22 <49 gaa Glu	211> 212> 213> 220> 221> 222> ttg Leu	408 DNA Pan CDS (1).	ctc Leu 5	(08) cgc Arg	tgg Trp	Val	Phe	Leu 10	Val	Ala	Phe	Leu	Glu 15	Gly	48
Met 1 gtc	<22 <22 <22 <42 <42 <42 <42 <42 <42 <42	211> 212> 213> 220> 221> 222> ttg Leu	408 DNA Pan CDS (1).	ctc Leu 5	cgc Arg	tgg Trp ctg	Val gtg	Phe gag	Leu 10 tct	Val ggg	Ala gga	Phe ggc	Leu ttg	Glu 15 gta	Gly	

cct	ggg	ggg	tcc	ttg	aca	ctc	tcc	tgt	gca	gcc	tct	gga	ttc	acc	ttc	144
Pro	Gly	Gly	Ser	Leu	Thr	Leu	Ser	Cys	Ala	Ala	Ser	Gly	Phe	Thr	Phe	
		35					40					45				
agt	agg	agt	ggc	atg	cac	tgg	gtc	cgc	cag	gct	cca	ggg	aag	gga	ctg	192
Ser	Arg	Ser	Gly	Met	His	Trp	Val	Arg	Gln	Ala	Pro	Gly	Lys	Gly	Leu	
	50					55					60					
gag	tgg	ctt	gca	tac	att	gat	tat	ggc	agt	att	ttc	ata	tac	tac	tcg	240
Glu	Trp	Leu	Ala	Tyr	Ile	Asp	Tyr	Gly	Ser	Ile	Phe	Ile	Tyr	Tyr	Ser	
65					70					75					80	
gac	tca	gtg	aag	ggc	cgc	ttc	acc	atc	tcc	aga	gac	aac	gcc	aag	aat	288
Asp	Ser	Val	Lys	Gly	Arg	Phe	Thr	Ile	Ser	Arg	Asp	Asn	Ala	Lys	Asn	
				85					90					95		
tca	ctc	tat	ctg	caa	atg	aac	agc	ctg	aga	gcc	gac	gac	acg	gct	ttt	336
Ser	Leu	Тух	Leu	Gln	Met	Asn	Ser	Leu	Arg	Ala	Asp	Asp	Thr	Ala	Phe	
			100					105					110			
tat	tac	tgt	acg	acc	cat	aat	tgg	ggg	gag	tta	act	gac	tac	tgg	ggc	384
Tyr	Tyr	Cys	Thr	Thr	His	Asn	Trp	Gly	Glu	Leu	Thr	Asp	Tyr	Trp	Gly	
		115					120					125				
			ctg													408
Gln	Gly	Thr	Leu	Val	Thr	Val	Ser									
	130					135										
		10>														
		11>														
		12>														
	<2	13>	Pan	trog	lody	tes										
		20>														
	<2	21>	CDS													

## <222> (1)...(421)

	<	400>	6													
atg	atg	ggg	tca	acc	gcc	atc	ctc	gcc	ctc	ctc	ctg	gct	gtt	ctc	caa	48
Met	Met	Gly	Ser	Thr	Ala	Ile	Leu	Ala	Leu	Leu	Leu	Ala	Val	Leu	Gln	
1				5					10					15		
gga	gtc	tgt	gca	gag	gtg	cag	ctg	gtg	cag	tct	gga	gca	gag	gtg	aaa	96
Gly	Val	Суѕ	Ala	Glu	Val	Gln	Leu	Val	Gln	Ser	Gly	Ala	Glu	Val	Lys	
			20					25					30			
aag	ccc	ggg	gag	tct	ctg	aag	atc	tac	tgt	aag	ggc	tct	gga	tac	agt	144
Lys	Pro	Gly	Glu	Ser	Leu	Lys	Ile	Ser	Cys	Lys	Gly	Ser	Gly	Tyr	Ser	
		35					40					45				
ttt	acc	aac	tac	tgg	atg	ggc	tgg	gtg	tgc	cag	atg	ccc	ggg	aaa	ggc	192
Phe	Thr	Asn	Tyr	Trp	Met	Gly	Trp	Val	Cys	Gln	Met	Pro	Gly	Lys	Gly	
	50					55					60					
					atc											240
	Glu	Cys	Met	Gly	Ile	Ile	Tyr	Pro	Asp	Asp	Ser	Asp	Thr	Arg	Tyr	
65					70					75					80	
					ggc											288
Ser	Pro	Ser	Phe		Gly	Gln	Val	Thr	Ile	Ser	Ala	Asp	Lys	Ser	Ile	
				85					90					95		
					caa											336
Ser	Thr	Ala		Leu	Gln	Trp	Ser	Asn	Leu	Lys	Ala	Ser	Asp	Thr	Ala	
			100					105					110			
					aga -											384
тте	TYE		Cys	Ala	Arg	Cys		Gly	Trp	Thr	Thr		Glu	Ala	Phe	
		115					120					125				
gac	alc	rgg	ggc	caa	ggg	aca	atg	gtc	acc	gtc	tct	t				421

Asp Ile Trp Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser

130 135 140 <210> 7 <211> 417 <212> DNA <213> Pan troglodytes <220> <221> CDS <222> (1) ... (417) <400> 7 ttg tgg ttc ttc ctt ctc ctg gtg gca gct ccc aga tgg gtc ctg tcc Leu Trp Phe Phe Leu Leu Leu Val Ala Ala Pro Arg Trp Val Leu Ser 1 5 10 15 cag ctg cag ctg cag gag tcg ggc cca gga ctg gtg aag cct tca cag 96 Gln Leu Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln 20 25 acc ctg tee etc acc tge act gte tet ggt gge tee atc age agt ggt Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Gly 35 40 45 agt tac tac tgg agt tgg atc cgg cag ccc gcc ggg aag cga ctg gag 192 Ser Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Ala Gly Lys Arg Leu Glu 50 55 60 tgg att ggg tat att tat tat agt ggg agt acc tac tac aac cca tcc 240

Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser
65 70 75 80

ctc aag agt cga gtc acc ata tca gta gac acg tcc aag aac cag ttc
Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe
85 90 95

tcc	ctg	aag	ctg	agc	tct	gtg	acc	gcc	gca	gac	acg	gcc	gtc	tat	tac	336
Ser	Leu	Lys	Leu	Ser	Ser	Va1	Thr	Ala	Ala	Asp	Thr	Ala	Val	Tyr	Tyr	
			100					105					110			
tgt	gcg	aga	tct	ccc	caa	aac	gta	tta	caa	tct	ttg	gac	tgc	ttc	gac	384
Cys	Ala	Arg	Ser	Pro	Gln	Asn	Val	Leu	Gln	Ser	Leu	Asp	Cys	Phe	Asp	
		115					120					125				
CCC	tgg	ggc	cag	gga	acc	ctg	gtc	acc	gtc	tcc						417
Pro		Gly	Gln	Gly	Thr		Val	Thr	Val	Ser						
	130					135										
		210> 211>														
		212>														
			Pan	tro	~1 od	rton										
	٠.		Fall	CLO	grou	ytes										
	<:	220>														
	<:	221>	CDS													
	<:	222>	(1)	(:	369)											
	<	400>	8													
gtc	cag	tcc	cag	gtc	cag	ctg	gtg	cag	tcc	ggg	gct	gag	gtg	aag	aag	48
Val	Gln	Ser	Gln	Val	Gln	Leu	Val	Gln	Ser	Gly	Ala	Glu	Val	Lys	Lys	
1				.5					10					15		
cct	ggg	tcc	tca	gtg	aag	gtc	tcc	tgc	aag	gtt	tcc	gga	ggc	acc	ttc	96
Pro	Gly	Ser	Ser	Va1	Lys	Val	Ser		Lys	Val	Ser	Gly	_	Thr	Phe	
			20					25					30			
			ggt													144
ser	Thr	Tyr 35	G1y	Phe	Ser	Trp		Arg	Gin	Ala	Pro	_	Gln	Gly	Leu	
		35					40					45				
ana.	taa	ato	gga	25-	2+-				~++	~~-	20-	orts -	20		~~-	192

	50					20					60					
																0.40
	agg				-											240
	Arg	Phe	Gln	Gly		Val	Ser	Ile	Asn		Asp	Thr	Ser	Thr		
65					70					75					80	
																000
	gcc		_		_		-	_	-			_	-			288
Ile	Ala	Tyr	Met		Leu	Thr	Ser	Leu		Ser	Glu	Asp	Thr		Val	
				85					90					95		
	tac				_	_	_					-	-			336
Tyr	Tyr	Cys		Thr	Asp	Leu	Thr		Thr	Thr	Asn	Asp		Phe	Asp	
			100					105					110			
	tgg															369
Ile	Trp	_	Gln	Gly	Thr	Met		Thr	Val	Ser						
		115					120									
		210>														
		211>														
		212>														
	<	213>	Pan	tro	glod	ytes										
		220>														
		221>														
	<	222>	(1)	(	423)											
		400-														
		400>														48
	g gag															40
	Glu	rne	GIĀ	Leu 5	ser	Trp	ьeu	rne		val	Ата	тте	Leu	ьуs 15	GTĀ	
1				5					10					7.2		
a+	c cao	tat	~ 2 ~	ata		cta	ata	a.a	tat	~~~		aaa	t t c	ata	220	96

25

30

Val Gln Cys Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Glu Gly Leu Val Lys

cct	ggg	ggt	tcc	ctg	aga	ctc	tcg	tgt	gca	gcc	tct	gga	ttc	acc	ttc	1	44
Pro	Gly	Gly	Ser	Leu	Arg	Leu	Ser	Cys	Ala	Ala	Ser	Gly	Phe	Thr	Phe		
		35					40					45					
agt	agt	ttt	ctt	atg	ttc	tgg	gtc	cgc	cag	gct	cca	gaa	aag	ggg	ctg	1	92
Ser	Ser	Phe	Leu	Met	Phe	Trp	Va1	Arg	Gln	Ala	Pro	Glu	Lys	Gly	Leu		
	50					55					60						
gag	tgg	gtc	tca	act	att	gat	gtt	agt	ggt	ggt	aat	atg	tgg	tac	cga	2	40
Glu	Trp	Val	Ser	Thr	Ile	Asp	Val	Ser	Gly	Gly	Asn	Met	Trp	Tyr	Arg		
65					70					75					80		
gac	tct	gtc	aag	ggc	cga	ttc	acc	atg	tcc	aga	gac	aat	tcc	aag	aac	2	88
Asp	Ser	Val	Lys	Gly	Arg	Phe	Thr	Met	Ser	Arg	Asp	Asn	Ser	Lys	Asn		
				85					90					95			
aca	ctg	tat	ctg	caa	atg	acc	agc	ctg	aga	gcc	gac	gaç	acg	gcc	gtt	3	36
Thr	Leu	Tyr	Leu	Gln	Met	Thr	Ser	Leu	Arg	Ala	Asp	Asp	Thr	Ala	Val		
			100					105					110				
tac	tat	tgt	gcg	aga	gag	gga	cga	gac	cct	agc	ggc	act	tgg	gga	tac	3	84
Tyr	Tyr	Cys	Ala	Arg	Glu	Gly	Arg	Asp	Pro	Ser	Gly	Thr	Trp	Gly	Tyr		
		115					120					125					
ttt	gac	tac	tgg	ggc	cag	gga	atc	ctg	gtc	acc	gtc	tcc				4	23
Phe	Asp	Tyr	Trp	Gly	Gln	Gly	Ile	Leu	Val	Thr	Val	Ser					
	130					135					140						
	<	210>	10														
	<	211>	97														
	<	212>	PRT														
	<	213>	Pan	tro	glod	ytes											

<220>
<221> DOMAIN
<222> (31)...(37)

```
<223> CDRI
     <221> DOMAIN
     <222> (52)...(67)
     <223> CDRII
     <400> 10
Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln
                                    10
Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ala Val Ser Gly Gly Ser Ile Thr Ser Ala
            20
                                25
                                                    3.0
Tyr Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Ser Pro Gly Lys Gly Leu Glu
                            40
Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Thr Ile Phe Ser Asn Pro Ser
                        55
                                            60
Leu Lys Ser Arg Val Ala Met Ser Val Gly Thr Ser Lys Thr Gln Phe
                    70
65
                                        75
Ser Leu Ser Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr
                85
                                    90
Cys
      <210> 11
      <211> 96
      <212> PRT
     <213> Pan troglodytes
      <220>
      <221> DOMAIN
      <222> (31) ... (37)
      <223> CDRI
      <221> DOMAIN
      <222> (52)...(67)
      <223> CDRII
```

<400> 11

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln 10 Thr Leu Ser Leu Thr Cys Gly Val Ser Gly Ala Ser Ile Asn Ser Gly 25 Val His Tyr Trp Ala Trp Ile Arg Gln Pro Ala Gly Lys Gly Leu Glu 35 40 Trp Ile Gly Asn Ile Tyr His Ser Gly Ser Ala Tyr Tyr Thr Pro Ser 55 60 Leu Glu Ser Arg Val Ser Met Ser Ile Glu Thr Ser Lys Ser Gln Phe 65 70 75 Phe Leu Asn Leu Asn Ser Leu Thr Ala Asp Thr Ala Ile Tyr Tyr Cys 85 90 <210> 12 <211> 96 <212> PRT <213> Pan troglodytes <220> <221> DOMAIN <222> (31)...(35) <223> CDRI <221> DOMATN <222> (50)...(66) <223> CDRII <400> 12 Asp Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu 1 5 Ser Leu Lys Ile Ser Cys Lys Val Ser Gly Asn Glu Phe Thr Asn Tyr 20 25 Trp Ile Ala Trp Val Arg Gln Met Ser Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met

40

Gly Ser Ile Tyr Pro Gly Asp Ser Asp Thr Arg Tyr Asn Pro Ser Phe 50

Gln Gly Gln Val Thr Phe Ser Ala Asp Lys Ser Ile Thr Thr Ala Tyr

65 70 75 80 Leu Gln Trp Ser Ser Leu Glu Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys 85 90 <210> 13 <211> 96 <212> PRT <213> Pan troglodytes <220> <221> DOMAIN <222> (31)...(35) <223> CDRI <221> DOMAIN <222> (50)...(66) <223> CDRII <400> 13 Asp Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu 1 5 10 15 Ser Leu Lys Ile Ser Cys Lys Val Ser Gly Asn Glu Phe Thr Asn Tyr 25 Trp Ile Ala Trp Val Arg Gln Met Ser Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met 35 40 Gly Ser Ile Tyr Pro Gly Asp Ser Asp Thr Arg Tyr Asn Pro Ser Phe 50 55 60 Gln Gly Gln Val Thr Phe Ser Ala Asp Lys Ser Ile Thr Thr Ala Tyr 65 70 75 Leu Gln Trp Ser Ser Leu Glu Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys 85 90 95

<210> 14 <211> 96

<212> PRT

<213> Pan troglodytes

```
<220>
     <221> DOMAIN
     <222> (31)...(35)
     <223> CDRI
     <221> DOMAIN
     <222> (50)...(66)
     <223> CDRII
     <400> 14
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1
                                    10
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Arg Ser
                                25
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Gly Trp Leu
        35
                            40
                                                45
Ala Tyr Ile Asp Tyr Gly Ser Ile Phe Ile Tyr Tyr Ser Asp Ser Val
    50
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr
                    70
                                       75
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Asp Asp Thr Ala Phe Tyr Tyr Cys
                85
                                    90
                                                        95
     <210> 15
     <211> 96
     <212> PRT
     <213> Pan troglodytes
     <220>
     <221> DOMAIN
     <222> (31)...(35)
     <223> CDRI
     <221> DOMAIN
     <222> (50)...(66)
```

<223> CDRII

<400> 15 Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu 5 Ser Leu Lys Ile Ser Cys Lys Gly Ser Gly Tyr Ser Phe Thr Asn Tyr 25 Trp Met Gly Trp Val Cys Gln Met Pro Gly Lys Gly Pro Glu Cys Met 35 40 Gly Ile Ile Tyr Pro Asp Asp Ser Asp Thr Arg Tyr Ser Pro Ser Phe 55 60 Gln Gly Gln Val Thr Ile Ser Ala Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr 65 70 75 Leu Gln Trp Ser Asn Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Ile Tyr Tyr Cys 85 90 95 <210> 16 <211> 97 <212> PRT <213> Pan troglodytes <220> <221> DOMAIN <222> (31)...(37) <223> CDRI <221> DOMAIN <222> (52)...(67) <223> CDRII <400> 16 Gln Leu Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln 1 5 10 Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Gly 20 Ser Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Ala Gly Lys Arg Leu Glu

\$35\$ \$40\$ \$45\$ Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser

50 55 60

Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe 65 70 75 80

Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr 85 90 95

Cys

<210> 17 <211> 96

<212> PRT

<213> Pan troglodytes

<220>

<221> DOMAIN

<222> (31)...(35)

<223> CDRI

<221> DOMAIN

<222> (50)...(66)

<223> CDRII

<400> 17

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ser

1 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Val Ser Gly Gly Thr Phe Ser Thr Tyr

Gly Phe Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met \$35\$ \$40\$ \$45\$

Gly Met Ile Ile Pro Ile Val Gly Thr Val Lys Tyr Ala Gln Arg Phe 50 55 60

Gln Gly Arg Val Ser Ile Asn Ala Asp Thr Ser Thr Asn Ile Ala Tyr 65 70 75 80

Met Glu Leu Thr Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys 85 90 95

<210> 18

<211> 96

```
<212> PRT
      <213> Pan troglodytes
      <220>
      <221> DOMAIN
      <222> (31)...(35)
      <223> CDRI
      <221> DOMAIN
      <222> (50)...(66)
      <223> CDRII
      <400> 18
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Glu Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Phe
            20
                                25
Leu Met Phe Trp Val Arg Gln Ala Pro Glu Lys Gly Leu Glu Trp Val
                            40
Ser Thr Ile Asp Val Ser Gly Gly Asn Met Trp Tyr Arg Asp Ser Val
    50
                                            60
Lys Gly Arg Phe Thr Met Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65
                    70
Leu Gln Met Thr Ser Leu Arg Ala Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85
                                    90
      <210> 19
     <211> 381
     <212> DNA
     <213> Pan troglodytes
     <220>
     <221> CDS
     <222> (1)...(381)
     <400> 19
```

atg agg gtc cct gct cag ctc ctg ggg ctc ctg ctg ctc tgg ctc tca 48

Met	. Arg	Val	Pro	Ala	Gln	Leu	Leu	Gly	Leu	Leu	Leu	Leu	Trp	Leu	Ser	
1				5					10					15		
ggt	gcc	aga	tgt	gac	atc	cag	atg	acc	cag	ttt	cca	tcc	tcc	ctg	tct	96
Gly	/ Ala	Arg	Cys	Asp	Ile	Gln	Met	Thr	Gln	Phe	Pro	Ser	Ser	Leu	Ser	
			20					25					30			
gca	tct	gta	gga	gac	aga	gtc	acc	atc	act	tgc	cag	tca	aqt	caq	agc	144
	Ser															
		35					40					45				
att	tac:	aac	tgc	ttg	agt	tgg	tat	cag	caq	aaa	cca	aaa	aaq	acc	cct	192
	Tyr															
	50					55	-				60	2	-2-			
aca	ctc	cta	atc	tat	ggt	gca	ttc	acc	tta	aat	agt	aaa	atc	cca	tca	240
	Leu															
65				_	70					75		2			80	
															00	
aga	ttc	agt	aac	agt	gga	tct	aac	aca	gat	ttc	act	ctc	200	ato	200	288
	Phe														-	200
-			2	85	011	501	Cly	* 1111	90	1116	1111	пец	1111	95	Set	
				0.5					90					90		
aat	ctg	Caa	cct	ma a	ast		~~~									
	Leu															336
1101	. Lou	0111	100	GIU	ASP	FILE	MIA		TYL	TYE	Cys	GIN		GIY	Tyr	
			100					105					110			
~~~																
	aca															381
GIŽ	Thr		геп	THE	Pne	GIY		GIY	Thr	Lys	Val		Ile	Lys		
		115					120					125				
		210>														

<211> 384

<212> DNA

<213> Pan troglodytes

<220> <221> CDS <222> (1)...(384)

	<	400>	20													
atg	gac	atg	agg	gtc	ccc	gct	cag	ctc	ctg	ggg	ctc	ctg	ctg	ctc	tgg	48
Met	Asp	Met	Arg	Val	Pro	Ala	Gln	Leu	Leu	Gly	Leu	Leu	Leu	Leu	Trp	
1				5					10					15		
ctc	cca	ggt	acc	aga	tgt	gac	atc	cag	atg	acc	cag	tct	cca	tcc	tcc	96
Leu	Pro	Gly	Thr	Arg	Cys	Asp	Ile	Gln	Met	Thr	Gln	Ser	Pro	Ser	Ser	
			20					25					30			
ctg	tct	gca	tct	gta	gga	gac	aga	gtc	acc	atc	act	tgc	cgg	gcc	agt	144
Leu	Ser	Ala	Ser	Val	${\tt Gly}$	Asp	Arg	Val	Thr	Ile	Thr	Cys	Arg	Ala	Ser	
		35					40					45				
cag	gg¢	att	agc	aat	tat	tta	gcc	tgg	tat	cag	cag	aaa	cca	ggg	aaa	192
Gln	G1y	Ile	Ser	Asn	Tyr	Leu	Ala	Trp	Tyr	Gln	Gln	Lys	Pro	Gly	Lys	
	50					55					60					
gcc	cct	aag	ctc	ctc	atc	tat	tat	gca	tcc	aga	ttg	gaa	agt	ggg	gtc	240
Ala	Pro	Lys	Leu	Leu	Ile	Tyr	$\mathtt{Tyr}$	Ala	Ser	Arg	Leu	Glu	Ser	Gly	Val	
65					70					75					80	
cca	tca	agg	ttc	agc	ggc	agt	gga	tct	ggg	acg	gat	tac	act	ctc	acc	288
Pro	Ser	Arg	Phe	Ser	Gly	Ser	Gly	Ser	Gly	Thr	Asp	Tyr	Thr	Leu	Thr	
				85					90					95		
			ctg													336
Ile	Ser	Ser	Leu	Gln	Pro	Glu	Asp	Phe	Ala	Thr	Tyr	Tyr	Cys	Gln	Gln	
			100					105					110			

tat aac agt aac coc ttt tog gtg gag gga oca agg tgg aga tca aac 384
Tyr Asn Ser Asn Pro Phe Ser Val Glu Gly Pro Arg Trp Arg Ser Asn
115 120 125

	<	210>	21													
	<	211>	384													
	<	212>	DNA													
	<	213>	Pan	tro	glod	ytes										
	<:	220>														
	<:	221>	CDS													
	<:	222>	(1)	(:	384)											
		100>														
				caa												48
Met	Ser	Pro	Ser	Gln	Leu	Ile	Gly	Phe	Leu	Leu	Leu	Trp	Val	Pro	Ala	
1				5					10					15		
				att												96
Ser	Arg	Gly		Ile	Val	Leu	Thr		Ser	Pro	Asp	Phe	Gln	Ser	Val	
			20					25					30			
- 4-																
				aaa -												144
Pro	Pro	15 35	Glu	Lys	Val	Thr		Thr	Cys	Arg	Ala		Gln	Ser	Ile	
		30					40					45				
aat	act	200	tt.	cac	+~~											100
				His											-	192
019	50			1113	TIP	55	GIII	GIII	шys	PIO	60	GIII	ser	Pro	ьys	
	50					23					60					
ctc	ctc	atc	aaq	tat	act	tee	cag	tec	atc	tca	aaa	atc	ccc	tea	200	240
				Tyr												240
65			-	-	70					75	2				80	
ttc	agt	ggc	agt	gga	tct	ggg	aca	gat	ttc	acc	ctc	acc	atc	aat	agc	288
				Gly												
				85					90					95		
ctg	gaa	gct	gaa	gat	gct	gca	acg	tat	tac	tgt	cag	caa	agt	agt	aat	336

FOUR OF DEDUCES

tta	cct	cat	acg	ctc	act	ttc	ggt	gga	ggg	acc	aag	gtg	gag	atc	aaa	384
Lev	Pro	His	Thr	Leu	Thr	Phe	Gly	Gly	Gly	Thr	Lys	Val	Glu	Ile	Lys	
		115					120					125				

<210> 22 <211> 372 <212> DNA <213> Pan troglodytes <220> <221> CDS

<222> (1)...(372) <400> 22

aga tgt gac atc cag atg acc cag tct cca tcc tcc ctg tct gca tct 96
Arg Cys Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser
20 25 30

gta gga gac aga gtc acc atc act tgc cag gca agt cag agc att agc 144
Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Ser Ile Ser

35 40 45

aac tat ttg agt tgg tat cag cag aaa cca ggg aaa gcc cct aag ctc 192
Asn Tyr Leu Ser Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu
50 55 60

ctg atc tat gat gca tcc act ttg caa agt ggg gtc cca tca agg ttc 240
Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Thr Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe
65 70 75 80

age	ggc	agt	gga	tct	ggg	aca	gat	ttc	act	ctc	acc	atc	agc	agt	ctg	288
Ser	Gly	Ser	Gly	Ser	Gly	Thr	Asp	Phe	Thr	Leu	Thr	Ile	Ser	Ser	Leu	
				85					90					95		
caa	cct	gaa	gat	ttt	gca	aca	tat	tac	tgt	cag	cgt	ggt	tac	ggt	aca	336
Gln	Pro	Glu	Asp	Phe	Ala	Thr	Tyr	Tyr	Cys	Gln	Arg	Gly	Tyr	Gly	Thr	
			100					105					110			
ctc	act	ttc	ggt	gga	ggg	acc	aag	gtg	gag	atc	aaa					372
Leu	Thr	Phe	Gly	Gly	Gly	Thr	Lys	Va1	Glu	Ile	Lys					
		115					120									
	<2	210>	23													
	<:	211>	384													
	<2	212>	DNA													
	<2	213>	Pan	tro	glody	/tes										
	< 1	220>														
		220-														
		221>	CDS													
	<2	221>	CDS	(3	384)											
	<2	221>		(3	384)											
	<1 <1	221>	(1)	(3	384)											
atg	<2 <2	221> 222> 100>	(1)			ctt	ctc	ttc	ctc	ctg	cta	ctc	tgg	ctc	cca	48
	<: <: <: gaa	221> 222> 100> gec	(1)	gcg	cag											48
	<: <: <: gaa	221> 222> 100> gec	(1) 23 cca	gcg	cag Gln											48
Met	<: <: <: gaa	221> 222> 100> gec	(1) 23 cca	gcg Ala	cag Gln				Leu					Leu		48
Met 1	<: <: gaa Glu	221> 222> 100> gcc Ala	(1) 23 cca	gcg Ala 5	cag Gln	Leu	Leu	Phe	Leu 10	Leu	Leu	Leu	Trp	Leu 15	Pro	48
Met 1 gat	<2 <2 gaa Glu acc	221> 222> 100> gcc Ala	(1) 23 cca Pro	gcg Ala 5	cag Gln ata	Leu gtg	Leu ttg	Phe acg	Leu 10 cag	Leu tct	Leu	Leu gcc	Trp	Leu 15 ctg	Pro tct	
Met 1 gat	<2 <2 gaa Glu acc	221> 222> 100> gcc Ala	(1) 23 cca Pro	gcg Ala 5	cag Gln ata	Leu gtg	Leu ttg	Phe acg	Leu 10 cag	Leu tct	Leu	Leu gcc	Trp	Leu 15 ctg	Pro tct	
Met 1 gat	<2 <2 gaa Glu acc	221> 222> 100> gcc Ala	(1) 23 cca Pro gga Gly	gcg Ala 5	cag Gln ata	Leu gtg	Leu ttg	Phe acg Thr	Leu 10 cag	Leu tct	Leu	Leu gcc	Trp acc Thr	Leu 15 ctg	Pro tct	
Met 1 gat Asp	<2 <2 gaa Glu acc	221> 222> 100> gcc Ala acc	(1) 23 cca Pro gga Gly	gcg Ala 5 gaa Glu	cag Gln ata Ile	Leu gtg Val	Leu ttg Leu	Phe acg Thr 25	Leu 10 cag Gln	Leu tct Ser	Leu cca Pro	Leu gcc Ala	Trp acc Thr 30	Leu 15 ctg Leu	Pro tct Ser	
Met 1 gat Asp	<pre></pre> <pre></pre> <pre></pre> <pre></pre> <pre> <pre> <pre> <pre> <pre> <pre> </pre> <pre> <pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre>	221> 2222> 400> gcc Ala acc Thr	(1) 23 cca Pro gga Gly 20	gcg Ala 5 gaa Glu	cag Gln ata Ile	gtg Val	Leu ttg Leu acc	Phe acg Thr 25	Leu 10 cag Gln	Leu tct Ser	cca Pro	Leu gcc Ala	Trp acc Thr 30	Leu 15 ctg Leu cag	Pro tct Ser	96
Met 1 gat Asp	<pre></pre> <pre></pre> <pre></pre> <pre></pre> <pre> <pre> <pre> <pre> <pre> <pre> </pre> <pre> <pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre>	221> 2222> 400> gcc Ala acc Thr	(1) 23 cca Pro gga Gly 20 ggg	gcg Ala 5 gaa Glu	cag Gln ata Ile	gtg Val	Leu ttg Leu	Phe acg Thr 25	Leu 10 cag Gln	Leu tct Ser	cca Pro	Leu gcc Ala	Trp acc Thr 30	Leu 15 ctg Leu cag	Pro tct Ser	96
Met 1 gat Asp	<pre></pre> <pre></pre> <pre></pre> <pre></pre> <pre> <pre> <pre> <pre> <pre> <pre> </pre> <pre> <pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre></pre>	221> 222> 400> gcc Ala acc Thr	(1) 23 cca Pro gga Gly 20 ggg	gcg Ala 5 gaa Glu	cag Gln ata Ile	gtg Val	ttg Leu acc Thr	Phe acg Thr 25	Leu 10 cag Gln	Leu tct Ser	cca Pro	gcc Ala gcc Ala	Trp acc Thr 30	Leu 15 ctg Leu cag	Pro tct Ser	96
Met 1 gat Asp ttg Leu	<pre><? <pre></pre> <pre></pre> <pre><pre>gaa Glu acc Thr  tct Ser</pre></pre>	221> 222> 400> gcc Ala acc Thr	(1) 23 cca Pro gga Gly 20 ggg	gcg Ala 5 gaa Glu gaa Glu	cag Gln ata Ile aga	gtg Val gcc Ala	ttg Leu acc Thr 40	Phe acg Thr 25 ctc Leu	Leu 10 cag Gln tcc Ser	tct Ser tgc Cys	cca Pro agg	gcc Ala gcc Ala 45	acc Thr 30 agt Ser	Leu 15 ctg Leu cag	Pro tct Ser agt Ser	96

	50					55					60					
agg	ctc	ctc	atc	tat	ggt	gca	tcc	aac	agg	gcc	act	ggc	atc	cca	gcc	240
Arg	Leu	Leu	Ile	Tyr	${\tt Gly}$	Ala	Ser	Asn	Arg	Ala	Thr	Gly	Ile	Pro	Ala	
65					70					75					80	
agg	ttc	agt	ggc	agt	ggg	tct	agg	aca	gac	ttc	act	ctc	acc	atc	agc	288
Arg	Phe	Ser	Gly	Ser	Gly	Ser	Arg	Thr	Asp	Phe	Thr	Leu	Thr	Ile	Ser	
				85					90					95		
agc	gtg	gag	cct	gaa	gat	ttt	gca	gtt	tat	tac	tgt	cag	cag	tat	aat	336
Ser	Va1	Glu	Pro	Glu	Asp	Phe	Ala	Val	Tyr	Tyr	Cys	Gln	Gln	Tyr	Asn	
			100					105					110			
aac	cag	cct	ctg	atc	gcc	ttc	ggc	caa	ggg	aca	cga	ctg	gag	att	aaa	384
Asn	Gln	Pro	Leu	Ile	Ala	Phe	Gly	Gln	Gly	Thr	Arg	Leu	Glu	Ile	Lys	
		115					120					125				
	<:	210>	24													
	<;	211>	387													
	<:	212>	DNA													
	<:	213>	Pan	tro	glody	ytes										
	<:	220>														
	<:	221>	CDS													
	<2	222>	(1)	(;	387)											
	<	100>	24													
atg	gac	atg	agg	gtc	ccc	gct	cag	ctc	ctg	ggg	ctc	ctg	ctg	ctc	tgg	48
Met	Asp	Met	Arg	Val	Pro	Ala	Gln	Leu	Leu	Gly	Leu	Leu	Leu	Leu	Trp	
1				5					10					15		

Phe Pro Gly Ala Lys Cys Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Thr  $20 \hspace{1.5cm} 25 \hspace{1.5cm} 30$ 

ttc cca ggt gcc aaa tgt gac atc cag atg acc cag tct cct tcc acc

ctg	tct	gcc	tcc	ata	gga	gac	aga	gtc	acc	atc	act	tgt	cgg	gct	agt	144
Leu	Ser	Ala	Ser	Ile	Gly	Asp	Arg	Val	Thr	Ile	Thr	Cys	Arg	Ala	Ser	
		35					40					45				
cag	ggc	atc	tat	aat	tat	ttg	aat	tgg	tat	cag	caa	aaa	cca	ggg	aga	192
Gln	Gly	Ile	Tyr	Asn	Tyr	Leu	Asn	Trp	Tyr	Gln	G1n	Lys	Pro	Gly	Arg	
	50					55					60					
gcc	cct	gga	ctc	ctc	atc	ttt	ggt	gcc	agg	aat	ttg	gag	act	ggg	gtc	240
Ala	Pro	G1 <sub>Y</sub>	Leu	Leu	Ile	Phe	Gly	Ala	Arg	Asn	Leu	Glu	Thr	Gly	Val	
65					70					75					80	
cca	tca	aca	ttc	agc	ggc	agt	ggt	tcc	ggg	aca	cac	ttc	act	ctc	acc	288
Pro	Ser	Thr	Phe	Ser	Gly	Ser	Gly	Ser	Gly	Thr	His	Phe	Thr	Leu	Thr	
				85					90					95		
atc	agc	agc	ctg	cag	cct	ggt	gat	ttt	gcg	act	tat	tac	tgt	cag	caa	336
Ile	Ser	Ser	Leu	Gln	Pro	Gly	Asp	Phe	Ala	Thr	Tyr	Tyr	Cys	Gln	Gln	
			100					105					110			
tat	tat	act	acc	ccg	tat	act	ttt	ggc	cag	ggg	acc	aag	ctg	gag	atc	384
Tyr	Tyr	Thr	Thr	Pro	Tyr	Thr	Phe	Gly	Gln	Gly	Thr	Lys	Leu	Glu	Ile	
		115					120					125				
aaa																387
	<:	210>	25													
	<:	211>	387													
	<;	212>	DNA													
	< 2	213>	Pan	tro	glod	ytes										
	<:	220>														
	<:	221>	CDS													
	<:	222>	(1)	(	387)											
	<	400>	25													
atg	gac	atg	agg	gtc	ccc	gct	cag	ctc	ctg	ggg	ctc	ctg	ctg	ctc	tgt	48

Met	Asp	Met	Arg	Val	Pro	Ala	Gln	Leu	Leu	Gly	Leu	Leu	Leu	Leu	Cys	
1				5					10					15		
ttc	cca	ggt	gcc	aga	tgt	gac	atc	cag	atg	acc	cag	tct	cca	tcc	tca	96
Phe	Pro	Gly	Ala	Arg	Cys	Asp	Ile	Gln	Met	Thr	Gln	Ser	Pro	Ser	Ser	
			20					25					30			
ctg	tct	gct	tct	gta	gga	gac	aga	gtc	acc	atc	tct	tgt	cgg	gcg	agt	144
Leu	Ser	Ala	Ser	Val	Gly	Asp	Arg	Val	Thr	Ile	Ser	Cys	Arg	Ala	Ser	
		35					40					45				
ctg	gat	att	agc	acc	tgg	tta	gcc	tgg	tat	cag	cag	aaa	cca	ggg	aaa	192
Leu	Asp	Ile	Ser	Thr	Trp	Leu	Ala	Trp	Tyr	Gln	Gln	Lys	Pro	Gly	Lys	
	50					55					60					
											_		agt		-	240
	Pro	Lys	Pro	Leu		Tyr	Ala	Ala	Ser		Leu	Pro	Ser	Gly	Val	
65					70					75					80	
						_					-		act			288
Pro	Ser	Arg	Phe		Gly	Ser	Gly	Ser		Thr	Asp	Phe	Thr		Thr	
				85					90					95		
							-						tgc	_		336
IIe	Ser	Ser		Gin	Pro	Glu	Asp		Ala	Thr	Tyr	Tyr	Cys	Arg	Gln	
			100					105					110			
																384
													gtg Val			384
LYL	Abii	115	-3-	110	neu	1111	120	GIY	GIY	GIY	1111	125	vai	GIU	ire	
		113					120					123				
aag																387
																507
	<	210>	26													
		211>														

<212> DNA

<213> Pan troglodytes

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(372)

<400> 26

50

tet act cag etc etg ggg etc etg etc tgg etc eca ggt gec aaa Ser Thr Gln Leu Leu Gly Leu Leu Leu Leu Trp Leu Pro Gly Ala Lys 5 10

tgt gac atc cag atg acc cag tct cct tcc acc ctg tct gca tct gta Cys Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Thr Leu Ser Ala Ser Val 20 25

30

gga gac aga gtc acc atc act tgc cgg gcc agt cag ggt att agt agc Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Ser 35 40

55

45

tgg tta gcc tgg tat cag cag aaa cca ggg aaa gcc cct aag ctc ctg Trp Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu

60

atc tat aag gca tct agt tta gaa agt ggg gtc cca tca agg ttc agc 240 Ile Tyr Lys Ala Ser Ser Leu Glu Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser 65 70 80

ggc agt gga tot ggg aca gaa tto act etc acc atc agc agc etg cag Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln

> 90 95

cct gat gat ttt gca act tat tac tgc caa cag tat agt agt tac cct Pro Asp Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Ser Ser Tyr Pro

> 105 110

cga acg ttc ggc caa ggg acc aag ctg gaa atc aaa Arg Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys 120

85

372

336

96

144

192

115

	<2	10>	27													
	< 2	11>	387													
	<2	12>	DNA													
	<2	13>	Pan	trog	lodz	rtes										
	<2	20>														
	<2	21>	CDS													
	<2	22>	(1).	(3	887)											
	< 4	00>	27													
atg	gac	atg	agg	gtc	ccc	gct	cag	ctc	ctg	ggg	ctc	ctg	ctg	ctc	tgg	48
Met	Asp	Met	Arg	Val	Pro	Ala	Gln	Leu	Leu	Gly	Leu	Leu	Leu	Leu	Trp	
1				5					10					15		
ctc	tca	ggt	acc	aga	tgt	gac	atc	cag	atg	acc	cag	tct	cca	tcc	tcc	96
Leu	Ser	Gly	Thr	Arg	Cys	Asp	Ile	Gln	Met	Thr	Gln	Ser	Pro	Ser	Ser	
			20					25					30			
ctg	tct	gca	tct	gta	gga	gac	aga	gtc	acc	atc	act	tgc	cgg	gca	agt	144
Leu	Ser		Ser	Val	Gly	Asp	_	Val	Thr	Ile	Thr	-	Arg	Ala	Ser	
		35					40					45				
						-	-			_	_			aaa		192
Gln		Ile	Ser	Asn	Tyr		Ser	Trp	Tyr	Gln		Lys	Pro	Gly	Lys	
	50					55					60					
				_				-			_		_	ggg	-	240
65	Pro	гĀЗ	Leu	Leu	70	Tyr	Tyr	Ala	ser	75	Leu	Gin	ser	Gly		
65					70					/5					80	
	tan	200	t t c	n or t	~~~	- a+	~~~	tat	~~~		an t	t to a		ctc		288
														Leu		200
110	DCI	mg	1110	85	GLY	per	Gry	Ser	90	1111	nap	rne	1111	95	1111	
				0.5					20					,,		
atc	agc	agt.	cta	caa	cct	gaa	gat	ttt	aca	act	tat	tac	tat	cag	cat	336
	90	90	- 09			544	900		900		Jac		-9-	549		330

Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln His 100 105 110 ggt tac ggt aca cat ccc act ttc ggt gga ggg acc aag gtg gag atc 384 Gly Tyr Gly Thr His Pro Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile 115 120 125 aaa 387 <210> 28 <211> 88 <212> PRT <213> Pan troglodytes <220> <221> DOMAIN <222> (24)...(34) <223> CDRI <221> DOMAIN <222> (50)...(66) <223> CDRII <400> 28 Asp Ile Gln Met Thr Gln Phe Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly 15 Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ser Ser Gln Ser Ile Tyr Asn Cys 25

65 70 75
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

85

8.0

```
<210> 29
      <211> 88
      <212> PRT
      <213> Pan troglodytes
      <220>
      <221> DOMAIN
      <222> (24)...(34)
      <223> CDRI
     <221> DOMAIN
      <222> (50)...(66)
      <223> CDRII
      <400> 29
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
                                    10
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr
                                25
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
        35
                            40
                                                45
Tyr Tyr Ala Ser Arg Leu Glu Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
                    70
                                        75
                                                             80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys
                85
      <210> 30
      <211> 88
      <212> PRT
      <213> Pan troglodytes
```

<220>

65

<221> DOMAIN

<222> (24) ... (34)

<223> CDRI

```
<221> DOMAIN
      <222> (50)...(66)
      <223> CDRII
      <400> 30
Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Asp Phe Gln Ser Val Pro Pro Lys
                                    10
Glu Lys Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Gly Ser Ser
                                25
                                                    30
Leu His Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Lys Leu Leu Ile
        35
                            40
Lys Tyr Ala Ser Gln Ser Ile Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
                        55
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asn Ser Leu Glu Ala
                    70
65
                                       75
                                                             80
Glu Asp Ala Ala Thr Tyr Tyr Cys
                85
      <210> 31
      <211> 88
      <212> PRT
      <213> Pan troglodytes
     <220>
      <221> DOMAIN
      <222> (24)...(34)
      <223> CDRI
     <221> DOMAIN
      <222> (50)...(66)
      <223> CDRII
      <400> 31
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
                 5
                                    10
                                                        15
```

20 25 30 Leu Ser Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile 40 Tyr Asp Ala Ser Thr Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly 55 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro 65 70 75 80 Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys 85 <210> 32 <211> 88 <212> PRT <213> Pan troglodytes <220> <221> DOMAIN <222> (24)...(34) <223> CDRI <221> DOMAIN <222> (50)...(66) <223> CDRII <400> 32 Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly 1 5 10 Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Arg Tyr 25 Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile 35 40 Tyr Gly Ala Ser Asn Arg Ala Thr Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly 55

Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys

85

70

Ser Gly Ser Arg Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Val Glu Pro

75

```
<210> 33
      <211> 88
      <212> PRT
      <213> Pan troglodytes
      <220>
     <221> DOMAIN
     <222> (24)...(34)
      <223> CDRI
     <221> DOMAIN
     <222> (50)...(66)
     <223> CDRII
     <400> 33
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Thr Leu Ser Ala Ser Ile Gly
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Tyr Asn Tyr
                               25
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Arg Ala Pro Gly Leu Leu Ile
       35
                            40
                                                45
Phe Gly Ala Arg Asn Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Thr Phe Ser Gly
                        55
Ser Gly Ser Gly Thr His Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65
                   70
                                       75
                                                            80
Gly Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys
                85
     <210> 34
      <211> 88
     <212> PRT
     <213> Pan troglodytes
     <220>
     <221> DOMAIN
     <222> (24) ... (34)
```

```
<223> CDRI
      <221> DOMAIN
      <222> (50)...(66)
      <223> CDRII
      <400> 34
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
                5
                                   10
Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Leu Asp Ile Ser Thr Trp
            20
                                25
                                                    3.0
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Pro Leu Ile
Tyr Ala Ala Ser Thr Leu Pro Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
   50
                        55
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65
                    70
                                       75
                                                            80
Glu Asp Ser Ala Thr Tyr Tyr Cys
                85
     <210> 35
      <211> 88
     <212> PRT
     <213> Pan troglodytes
      <220>
      <221> DOMAIN
      <222> (24)...(34)
      <223> CDRI
      <221> DOMAIN
      <222> (50)...(66)
      <223> CDRII
      <400> 35
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Thr Leu Ser Ala Ser Val Gly
1
                5
                                   10
                                                       15
```

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Ser Trp 20 25 Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile 40 Tyr Lys Ala Ser Ser Leu Glu Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly 50 55 Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro 75 80 Asp Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys 85 <210> 36 <211> 88 <212> PRT <213> Pan troglodytes <220> <221> DOMAIN <222> (24)...(34) <223> CDRI <221> DOMAIN <222> (50)...(66) <223> CDRII <400> 36 Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly 10

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Asn Tyr  $20 \hspace{1.5cm} 25 \hspace{1.5cm} 30$ 

Leu Ser Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile 35 40 45

Tyr Tyr Ala Ser Thr Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly \$50\$

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro 65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

<210> 37 <211> 408

<212> DNA

<213> Macaca cynomolgus

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(408)

<400> 37

atg gag ttt gga ctg agc tgg gtt ttc ctt gtc gct att ttc aaa ggt
Met Glu Phe Gly Leu Ser Trp Val Phe Leu Val Ala Ile Phe Lys Gly
1 5 10 15

gtc cag tgt gaa gtg cag ttg gtg gag tct ggg gga ggc ttg gta cag

Val Gln Cys Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln

20 25 30

ccg ggg ggg tcc ctg aga ctc gcc tgt gta ggc tct gga ttc gcc ttc 144
Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ala Cys Val Gly Ser Gly Phe Ala Phe
35 40 45

aga aac acc agg atg cac tgg att cga cag act cca gga aag agg ctg 192
Arg Asn Thr Arg Met His Trp Ile Arg Gln Thr Pro Gly Lys Arg Leu
50 60

gag tgg gtg gcc gac ata aag ttt gat gga agt gat ttt tac tat gta 240
Glu Trp Val Ala Asp Ile Lys Phe Asp Gly Ser Asp Phe Tyr Tyr Val
65 70 75 80

gac tot gtg aag ggo cga tto acc ato too aga gac aac goo aag aac 288
Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn
85 90 95

tcc ctc tat ctg gaa atg aac agc ctg aga cct gat gac aca gcc gtc 336

	Leu	Tyr	Leu	Glu	Met	Asn	Ser	Leu	Arg	Pro	Asp	Asp	Thr	Ala	Val	
			100					105					110			
						tac										384
Tyr	Phe	Cys	Val	Arg	Glu	Tyr		Asp	Gly	Leu	Asp		Trp	Gly	Arg	
		115					120					125				
																408
	-					tcc										400
GIY		Leu	Val	Thr	Val	Ser 135	ser									
	130					133										
	<	210>	38													
		211>														
	<	212>	DNA													
	<	213>	Mac	aca	cyno	molg	ıs									
	<	220>														
	<	221>	CDS													
	<	222>	(1)	- 1	3811											
			(-/	(	301)											
					301,											
		400>	38							~+~					, toa	48
	aca	gct	38	: aga	. tgg										tcg	48
Val	aca	gct	38	aga	. tgg				Gln	Val					ser Ser	48
	aca	gct	38	: aga	. tgg					Val				ı Glı	ser Ser	48
Val	aca	gct Ala	38 ccc	: aga Arg 5	tgg	Val	Lev	. Ser	Gln 10	Val	Glr	. Let	ı Glr	ı Glı	ser Ser	<b>48</b> 96
Val	aca Thr	get Ala	38 ccc	aga Arg 5	tgg	Val	Lev	Ser gaç	Gln 10	Val	Glr tcc	Let	Glr	1 Glu	Ser	
Val	aca Thr	get Ala	38 ccc	aga Arg 5 gtc	tgg	Val	Lev	Ser gaç	Gln 10 acc	Val	Glr tcc	Let	Glr	1 Glu 1: tg:	Ser	
Val	aca Thr	get Ala	38 ccc Pro	aga Arg 5 gtc	tgg	Val	Lev	Ser gaç Glu	Gln 10 acc	Val	Glr tcc	Let	Glr c act	1 Glu 1: tg:	Ser	96
Val 1 ggc Gly	aca Thr	get Ala aga Gly	38 ccc Pro	aga Arg 5 y gtc	tgg Trp aag	Val	tcg Ser	gag Glu 25	Gln 10 acc Thr	Val	Glr tcc Sen	ten	a Glr c act 1 Thi 30	1 Glu 1! tg! Cy:	a Ser	
Val 1 ggc Gly	aca Thr	get Ala aga Gly	38 ccc Pro	aga Arg 5 y gtc	tgg Trp aag	Val	tcg Ser	gag Glu 25	Gln 10 acc Thr	Val	Glr tcc Sen	ten	act Thi 30	1 Glu 1! tg! Cy:	ser	96
Val 1 ggc Gly	aca Thr	get Ala aga Gly	38 ccc Pro	aga Arg 5 y gtc	tgg Trp aag	Val	tcg Ser	gag Glu 25 gtc Val	Gln 10 acc Thr	Val	Glr tcc Sen	ten	act Thi 30	1 Glu 1! tg! Cy:	a Ser	96
Val 1 ggc Gly gtc Val	Thr C cca Y Pro	get Ala gga gga gga gga gga gga gga gga gga g	38: ccc Pro	s aga Arg 5 5 5 1 gtc	tgg; Trp	Val	tcg Ser act	gag gag Glu 25 gtc Val	Gln 10 s acc Thr c ttc	Val	Glr tcc Sen gage	ten ctc Len tgg r Trj	act 30 g ctc	tgi Cy:	a Ser	96 144
Val 1 ggo Gly gto Val	acs. Thr	got Ala gga gga gga gga gga gga gga gga gga g	38 : ccc Pro	set agas	tgg	Val	tcg Ser act : act 40	gas Glu 25 gtc Val	Gln 10 second Thr	Val	Glr tccc; tcccs Ser	t gc	act Thi 30 g cto p Le	19 Glu 19 tgi 19 cgi 20 cgi 21 Ar	a Ser	96

ccg	gaa	acg	aac	tac	aat	ccc	tcc	ctc	aag	aat	cga	gcc	acc	att	tca	240	
Pro	Glu	Thr	Asn	Tyr	Asn	Pro	Ser	Leu	Lys	Asn	Arg	Ala	Thr	Ile	Ser		
65					70					75					80		
aaa	gac	acg	ccc	acg	aat	caa	ttt	ttc	ctg	agg	ctg	acg	tct	gtg	acc	288	3
Lys	Asp	Thr	Pro	Thr	Asn	Gln	Phe	Phe	Leu	Arg	Leu	Thr	Ser	Val	Thr		
				85					90					95			
gcc	gcg	gac	acg	gcc	gtc	tac	ttc	tgt	gcg	aga	gga	ggg	gga	gcc	ggc	336	5
Ala	Ala	Asp	Thr	Ala	Val	Tyr	Phe	Cys	Ala	Arg	Gly	Gly	Gly	Ala	Gly		
			100					105					110				
aac	cca	ctc	act	tgg	ggc	cag	gga	gtc	cag	gtc	acc	gtc	tcc	tca		381	L
Asn	Pro	Leu	Thr	Trp	Gly	Gln	Gly	Val	Gln	Val	Thr	Val	Ser	Ser			
		115					120					125					
	<	210>	39														
	<	211>	417														
	<	212>	DNA														
	<	213>	Mac	aca	cyno	molg	us										
		220>															
			CDS														
	<	222>	(1)	(	417)												
		400>															
			act				_			-	-					4:	8
	Gly	Ser	Thr		Ile	Leu	Ala	Leu			Ala	Val	Leu		Gly		
1			,	5					10					15			
																	_
			gag													9	0
Val	Cys	Ala	Glu	Val	His	Leu	Val		Ser	GIY	Ala	GIT		Lys	Arg		
			20					25					30				
																1.4	4

Pro	Gly		Ser	Leu	Arg	Ile		Cys	Lys	Thr	Ser		Tyr	Thr	Phe	
		35					40					45				
acc	gac	agc	tgg	atc	agc	tgg	gtg	cgc	cag	atg	ccc	ggg	aaa	ggc	ctg	192
Thr	Asp	Ser	Trp	Ile	Ser	Trp	Val	Arg	Gln	Met	Pro	Gly	Lys	Gly	Leu	
	50					55					60					
gag	tgg	atg	gga	aac	atc	tat	cct	ggt	gat	tct	gat	tcc	aga	tac	aac	240
Glu	Trp	Met	Gly	Asn	Ile	Tyr	Pro	Gly	Asp	Ser	Asp	Ser	Arg	Tyr	Asn	
65					70					75					80	
					cgc	-				-	-					288
Pro	Ser	Phe	Gln	_	Arg	Val	Thr	Ile		Val	Asp	Lys	Ser		Ser	
				85					90					95		
											to a co					336
				_	tgg Trp	_	_	_	_	_	_	-				220
1111	THE	TÄT	100	GIN	тр	ser	ser	105	nys	Ald	ser	Asp	110	Ala	1111	
			100					103					110			
tat	tac	tgt	gcg	aag	ata	gat	agc	aac	tac	tac	agc	cgg	ttc	gaa	gtc	384
Tyr	Tyr	Cys	Ala	Lys	Ile	Asp	Ser	Asn	Tyr	Tyr	Ser	Arg	Phe	Glu	Val	
		115					120					125				
tgg	ggc	ccc	gga	gtc	atg	gtc	acc	gtc	tcc	tca						417
Trp	Gly	Pro	Gly	Val	Met	Val	Thr	Val	Ser	Ser						
	130					135										
		210>														
		211>														
		212>														
	<	213>	Mac	aca	cyno	molg	us									
		220>														
		220> 221>	CDC													
	^	441>	CDS													

<222> (1)...(423)

## <400> 40 atg aag cac ctg tgg ttc ttc ctc ctc ctg gtg gca gct cct aga tgg 48 Met Lys His Leu Trp Phe Phe Leu Leu Val Ala Ala Pro Arg Trp 5 10 15 gtc ctg tcc cag gtg cag ttg cag gag tcg ggc cca gga gtg gtg aag 96 Val Leu Ser Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Val Val Lys 20 2.5 3.0 cct tcg gag acc ctg tcc ctc acc tgc act gtc tct ggt ggc tcc ttc 144 Pro Ser Glu Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Phe 35 40 45 agt act tac tac tgg aat tgg atc cgc cag ccc cca ggg aag gga ctg 192 Ser Thr Tyr Tyr Trp Asn Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu 50 55 60 gag tgg att gga tat atc ggt ggt ggt ggt cgc ccc aac tac aat 240 Glu Trp Ile Gly Tyr Ile Gly Gly Gly Gly Arg Pro Asn Tyr Asn 65 too too oto aaq aqt ogo ato acc otq toa ota gac gog too aag aac 288 Ser Ser Leu Lys Ser Arg Ile Thr Leu Ser Leu Asp Ala Ser Lys Asn 25 90 95 cag ttc tcc ctg aac ctg agc tct gtg acc gcc gcg gac acg gcc gtg 336 Gln Phe Ser Leu Asn Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val 100 105 110 tac tac tgt gcc aga gat cgg ggc tac ggt gcc agc aat gat gct ttt 384 Tyr Tyr Cys Ala Arg Asp Arg Gly Tyr Gly Ala Ser Asn Asp Ala Phe

gat ttc tgg ggc caa ggg ctc agg gtc acc gtc tct tca 423
Asp Phe Trp Gly Gln Gly Leu Arg Val Thr Val Ser Ser
130 135 140

	<2	10>	41													
	<2	11>	411													
	<2	12>	DNA													
	<2	13>	Maca	ca c	ynon	olgu	s									
	<2	20>														
	<2	21>	CDS													
	<2	22>	(1).	(4	11)											
	<4	00>	41													
atg	aag	cac	ctg	tgg	ttc	ttc	ctc	ctc	ctg	gtg	gca	act	cct	aaa	tgg	48
Met	Lys	His	Leu	Trp	Phe	Phe	Leu	Leu	Leu	Val	Ala	Thr	Pro	Lys	Trp	
1				5					10					15		
gtc	ctg	tcc	cag	gtg	cag	ttg	cat	gag	tcg	ggc	cct	gga	ctg	ctg	aag	96
Val	Leu	Ser	Gln	Val	Gln	Leu	His	Glu	Ser	Gly	Pro	Gly	Leu	Leu	Lys	
			20					25					30			
cct	tcg	gag	acc	ctg	tcc	ctc	acc	tgc	aat	gtc	tcc	ggt	gac	tcc	ccc	144
Pro	Ser	Glu	Thr	Leu	Ser	Leu	Thr	Cys	Asn	Va1	Ser	Gly	Asp	Ser	Pro	
		35					40					45				
act	aag	tcc	acg	tgg	aac	tgg	gtc	cgc	cag	tee	cca	ggg	aag	cca	ctg	192
Thr	Lys	Ser	Thr	Trp	Asn	Trp	Val	Arg	Gln	Ser	Pro	Gly	Lys	Pro	Leu	
	50					55					60					
gaa	tgg	att	ggt	cat	gtc	ggt	tct	ggt	gga	ggt	ggc	ccc	gtt	tac	aac	240
Glu	Trp	Ile	Gly	His	Va1	Gly	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Pro	Val	Tyr	Asn	
65					70					75					80	
gtc	ttc	ttg	acg	ggt	cgc	gtc	tcc	atg	tct	cta	gac	gct	tca	aag	aag	288
Va1	Phe	Leu	Thr	Gly	Arg	Val	Ser	Met	Ser	Leu	Asp	Ala	Ser	Lys	Lys	
				85					90					95		
ctt	ctc	tcc	ctg	gcc	tta	gca	tct	gtg	acc	gcc	gcc	gac	tcg	gcc	gtc	336
Leu	Leu	Ser	Leu	Ala	Leu	Ala	Ser	Val	Thr	Ala	Ala	Asp	Ser	Ala	Val	

96

tat tac tgt gtc aga tcg acg gca tta ttt tcg ttg gat gtc tgg ggc 384 Tyr Tyr Cys Val Arg Ser Thr Ala Leu Phe Ser Leu Asp Val Trp Gly 125 115 120

cgg gga ctt ctg gtc acc gtc tcc tca Arg Gly Leu Leu Val Thr Val Ser Ser 135

130

<210> 42

<211> 442

<212> DNA

<213> Macaca cynomolgus

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(441)

<400> 42

atg gag ttg gga ctg agc tgg gtt ttc ctt ctt gtt gct att tta aaa 48 Met Glu Leu Gly Leu Ser Trp Val Phe Leu Leu Val Ala Ile Leu Lys 15 10 5 1

ggt gtc cag tgt gac aag cag ctg gtg cag tcg ggg gga ggc ttg gtc Gly Val Gln Cys Asp Lys Gln Leu Val Gln Ser Gly Gly Gly Leu Val 30 25 20

cag cet gge ggg tet etg aga ete gee tgt gta gee tee gga tte eee 144 Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ala Cys Val Ala Ser Gly Phe Pro 35 40 45

ttc agt gac tat tac atg agt tgg gtc cgc cag gct cca ggg aag ggg 192 Phe Ser Asp Tyr Tyr Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly 50

ttg	gag	tgg	ctt	gga	tta	att	aaa	acc	aat	cct	gat	ggt	gga	acg	aca	240
Leu	Glu	Trp	Leu	Gly	Leu	Ile	Lys	Thr	Asn	Pro	Asp	Gly	Gly	Thr	Thr	
65					70					75					80	
gat	tac	gcc	gcg	tct	gtg	aaa	ggc	aga	ttt	atc	atc	tca	cga	gat	gat	288
Asp	Tyr	Ala	Ala	Ser	Val	Lys	Gly	Arg	Phe	Ile	Ile	Ser	Arg	Asp	Asp	
				85					90					95		
tca	aag	aac	tca	ctg	ttc	ctt	caa	atg	aac	agc	ctg	aaa	acc	gag	gac	336
Ser	Lys	Asn	Ser	Leu	Phe	Leu	Gln	Met	Asn	Ser	Leu	Lys	Thr	Glu	Asp	
			100					105					110			
acg	gcc	gtg	tat	tac	tgc	acc	aca	gaa	gtg	ttg	gtg	gtg	tct	gct	att	384
Thr	Ala	Val	Tyr	Tyr	Cys	Thr	Thr	Glu	Val	Leu	Val	Val	Ser	Ala	Ile	
		115					120					125				
caa	ctc	att	gga	tgt	ctg	ggg	ccc	ggg	gag	ttg	tgg	tca	ccc	gtc	tct	432
Gln	Leu	Ile	Gly	Cys	Leu	Gly	Pro	Gly	Glu	Leu	Trp	Ser	Pro	Val	Ser	
	130					135					140					
ttc	cgc	ttc	a													442
Phe	Arg	Phe														
145																
		210>														
		211>														
		212>														
	<	213>	Mac	aca	cyno	molg	us									
		222														
		220>														
		221>			40E1											
	<	222>	( 1 )	(	405)											
		400>	. 43													
	<	4002	44.3													

atg aag cac ctg tgg ttc ttc ctc ctc ctg gtg gca gct ccc aga tgg

1				5					10					15		
gtc	ctg	tcc	cag	gtg	cag	ttg	gag	gag	tcg	ggc	cca	gga	ctg	gtg	aag	96
Val	Leu	Ser	Gln	Val	Gln	Leu	Glu	Glu	Ser	Gly	Pro	Gly	Leu	Val	Lys	
			20					25					30			
ccc	tcg	gag	acc	ctg	tcc	ctc	acc	tgc	gct	gtg	tct	ggt	ggc	ctc	att	144
Pro	Ser	Glu	Thr	Leu	Ser	Leu	Thr	Cys	Ala	Val	Ser	Gly	Gly	Leu	Ile	
		35					40					45				
act	gga	aac	tac	tgg	aac	tgg	ctc	cgg	cag	tca	gaa	ggg	aag	gga	ctg	192
Thr	Gly	Asn	Tyr	Trp	Asn	Trp	Leu	Arg	Gln	Ser	Glu	Gly	Lys	Gly	Leu	
	50					55					60					
gag	tgg	att	ggc	cat	att	ggt	ggt	agt	agt	ggg	aac	acc	ggc	tac	aac	240
Glu	Trp	Ile	Gly	His	Ile	Gly	Gly	Ser	Ser	Gly	Asn	Thr	Gly	Tyr	Asn	
65					70					75					80	
					cgc											288
Ser	Ala	Phe	Glu		Arg	Va1	Thr	Leu		Arg	Asp	Thr	Ala	-	Asn	
				85					90					95		
			_		ctg					_	_	_	_	-		336
Arg	Phe	Ser		Lys	Leu	Thr	Ser		Thr	Ala	Ala	Asp		Ala	Val	
			100					105					110			
																384
					tcg											304
TYL	TÄL	115	Ala	Arg	Ser	GIY		Inr	GIY	Thr	Asp		Pne	TYT	TYF	
		112					120					125				
taa	aac	cc~	aac	22~	tct	tac	t a									407
					Ser											407

<210> 44 <211> 420

	<2	12>	DNA													
	<2	13>	Maca	caca cynomolgus												
	<2	20>														
	<2	21>	CDS													
	<2	22>	(1).	(4	120)											
	< 4	00>	44													
atg	aag	cac	ctg	tgg	ttc	ttc	ctc	ctc	ctg	gtg	gca	gct	ccc	aga	tgg	48
Met	Lys	His	Leu	Trp	Phe	Phe	Leu	Leu	Leu	Val	Ala	Ala	Pro	Arg	Trp	
1				5					10					15		
gtc	ctg	tcc	cag	gtt	caa	cta	cag	gag	tcg	ggc	cca	gga	ctg	atg	aag	96
Val	Leu	Ser	Gln	Val	Gln	Leu	Gln	Glu	Ser	Gly	Pro	Gly	Leu	Met	Lys	
			20					25					30			
cct	tcg	gag	acc	ctg	tcc	ctc	acc	tgc	gct	gtc	tct	ggt	ggc	tcc	atc	144
Pro	Ser	Glu	Thr	Leu	Ser	Leu	Thr	Cys	Ala	Val	Ser	Gly	Gly	Ser	Ile	
		35					40					45				
agc	ggt	ggt	ttt	ggc	tgg	ggc	tgg	atc	cgt	cag	tcc	ccg	ggg	aag	ggg	192
Ser	Gly	Gly	Phe	Gly	Trp	Gly	Trp	Ile	Arg	Gln	Ser	Pro	Gly	Lys	Gly	
	50					55					60					
ctg	gaa	tgg	att	gga	agt	ttc	tat	act	act	act	gga	aat	acc	ttc	tcc	240
Leu	Glu	Trp	Ile	Gly	Ser	Phe	Tyr	Thr	Thr	Thr	Gly	Asn	Thr	Phe	Ser	
65					70					75					80	
aac	ccc	tcc	ctc	aag	agt	cga	gtc	acc	att	tca	gcg	gac	acg	tcc	aag	288
Asn	Pro	Ser	Leu	Lys	Ser	Arg	Val	Thr	Ile	Ser	Ala	Asp	Thr	Ser	Lys	
				85					90					95		
aac	cag	ttc	tcc	ctg	aga	ctg	acc	tct	gtg	acc	gcc	gcg	gac	acg	gcc	336
Asn	Gln	Phe	Ser	Leu	Arg	Leu	Thr	Ser	Val	Thr	Ala	Ala	Asp	Thr	Ala	
			100					105					110			
gtt	tat	tac	tgt	gcg	aga	gat	ctc	tat	agc	agc	ggc	tat	aaa	ttt	tac	384

Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Asp Leu Tyr Ser Ser Gly Tyr Lys Phe Tyr 115 120 125

tac tgg ggc cag gga gtc ctg gtc acc gtc tcc tca
Tyr Trp Gly Gln Gly Val Leu Val Thr Val Ser Ser
130 135 140

420

<210> 45 <211> 98

<212> PRT

<213> Macaca cynomolgus

<220>

<221> DOMAIN

<222> (31)...(35)

<223> CDRI

<221> DOMAIN

<222> (50)...(66)

<223> CDRII

<400> 45

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ala Cys Val Gly Ser Gly Phe Ala Phe Arg Asn Thr

Arg Met His Trp Ile Arg Gln Thr Pro Gly Lys Arg Leu Glu Trp Val

Ala Asp Ile Lys Phe Asp Gly Ser Asp Phe Tyr Tyr Val Asp Ser Val
50 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr 65 70 75 80

Leu Glu Met Asn Ser Leu Arg Pro Asp Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys  $85 \ 90 \ 95$ 

Val Arg

<210> 46

<211> 98

<212> PRT

<213> Macaca cynomolgus

<220>

<221> DOMAIN

<222> (31) . . . (35)

<223> CDRI

<221> DOMAIN

<222> (50)...(66)

<223> CDRII

<400> 46

35

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu 1.0

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Asp Ser Ile Thr Thr Val 25

Phe Trp Ser Trp Leu Arg Gln Ser Pro Gly Ile Gly Leu Glu Trp Ile 40

Gly Asn Phe Ala Gly Ser Thr Pro Glu Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu 55 60

Lys Asn Arg Ala Thr Ile Ser Lys Asp Thr Pro Thr Asn Gln Phe Phe 65 70 75 80

Leu Arg Leu Thr Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys 85 90

Ala Arg

<210> 47

<211> 98

<212> PRT

<213> Macaca cynomolgus

<220>

<221> DOMAIN

<223> CDRI

<221> DOMAIN

<222> (50)...(66)

<222> (31)...(35)

<223> CDRII

<400> 47

Glu Val His Leu Val Gln Ser Gly Ala Gln Val Lys Arg Pro Gly Glu

1 5 10 15

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asp Ser
20 25 30

Trp Ile Ser Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met 35 40 45

Gly Asn Ile Tyr Pro Gly Asp Ser Asp Ser Arg Tyr Asn Pro Ser Phe

Gln Gly Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Thr Tyr 65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Thr Tyr Tyr Cys 85 90 95

Ala Lys

<210> 48

<211> 98

<212> PRT

<213> Macaca cynomolgus

<220>

<221> DOMAIN

<222> (31)...(35)

<223> CDRI

<221> DOMAIN

<222> (50)...(66)

<223> CDRII

<400> 48 Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Val Val Lys Pro Ser Glu 10 Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Phe Ser Thr Tyr 20 Tyr Trp Asn Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile 40 45 Gly Tyr Ile Gly Gly Gly Gly Arg Pro Asn Tyr Asn Ser Ser Leu 55 60 Lys Ser Arg Ile Thr Leu Ser Leu Asp Ala Ser Lys Asn Gln Phe Ser 70 75 Leu Asn Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys 85 90 Ala Arg <210> 49 <211> 98 <212> PRT <213> Macaca cynomolgus <220> <221> DOMAIN <222> (31) ... (35) <223> CDRI <221> DOMAIN <222> (50)...(66) <223> CDRII <400> 49 Gln Val Gln Leu His Glu Ser Gly Pro Gly Leu Leu Lys Pro Ser Glu 10 Thr Leu Ser Leu Thr Cys Asn Val Ser Gly Asp Ser Pro Thr Lys Ser

25

35 40 Gly His Val Gly Ser Gly Gly Gly Pro Val Tyr Asn Val Phe Leu Thr Gly Arg Val Ser Met Ser Leu Asp Ala Ser Lys Leu Leu Ser 65 70 75 Leu Ala Leu Ala Ser Val Thr Ala Ala Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys 85 Val Arg <210> 50 <211> 100 <212> PRT <213> Macaca cynomolgus <220> <221> DOMAIN <222> (31) ... (35) <223> CDRI <221> DOMAIN <222> (50)...(68) <223> CDRII <400> 50 Asp Lys Gln Leu Val Gln Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly 1 5 10 Ser Leu Arg Leu Ala Cys Val Ala Ser Gly Phe Pro Phe Ser Asp Tyr 25 Tyr Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Leu 35 45 Gly Leu Ile Lys Thr Asn Pro Asp Gly Gly Thr Thr Asp Tyr Ala Ala Ser Val Lys Gly Arg Phe Ile Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Ser 70 75

90

95

Leu Phe Leu Gln Met Asn Ser Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr

```
Tyr Cys Thr Thr
           100
      <210> 51
      <211> 98
      <212> PRT
      <213> Macaca cynomolgus
      <220>
      <221> DOMAIN
      <222> (31)...(35)
      <223> CDRI
     <221> DOMAIN
     <222> (50)...(66)
     <223> CDRII
      <400> 51
Gln Val Gln Leu Glu Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu
1
                 5
                                   10
Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ala Val Ser Gly Gly Leu Ile Thr Gly Asn
           20
                                25
Tyr Trp Asn Trp Leu Arg Gln Ser Glu Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile
                            40
Gly His Ile Gly Gly Ser Ser Gly Asn Thr Gly Tyr Asn Ser Ala Phe
    50
                        55
                                            60
Glu Ser Arg Val Thr Leu Ser Arg Asp Thr Ala Lys Asn Arg Phe Ser
                    7.0
Leu Lys Leu Thr Ser Val Thr Ala Ala Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys
                85
                                    90
                                                        95
```

Ala Arg

<210> 52 <211> 99

<212> PRT

<213> Macaca cynomolgus

```
<220>
      <221> DOMAIN
      <222> (31) ... (36)
      <223> CDRI
      <221> DOMAIN
     <222> (51) ... (67)
     <223> CDRII
     <400> 52
Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Met Lys Pro Ser Glu
                                    1.0
Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ala Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Gly Gly
            20
                                25
Phe Gly Trp Gly Trp Ile Arg Gln Ser Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp
                            40
Ile Gly Ser Phe Tyr Thr Thr Thr Gly Asn Thr Phe Ser Asn Pro Ser
                        55
Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Ala Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe
65
                    70
                                         75
Ser Leu Arg Leu Thr Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr
                85
                                     90
                                                         95
Cys Ala Arg
      <210> 53
```

.....

<211> 390

<212> DNA

<213> Macaca cynomolgus

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(390)

<400> 53

atg gac ata agg gtc ccc gtg cag ctc ctg ggg ctc ctg ttg ctc tgg

Met	Asp	Ile	Arg	Val	Pro	Val	Gln	Leu	Leu	Gly	Leu	Leu	Leu	Leu	Trp	
1				5					10					15		
ctc	cga	ggt	gcc	aga	tgt	gac	atc	cag	atg	acc	cag	tct	cca	tcc	tcc	96
Leu	Arg	Gly	Ala	Arg	Cys	Asp	Ile	Gln	Met	Thr	Gln	Ser	Pro	Ser	Ser	
			20					25					30			
ctg	tct	aca	tct	gta	gga	gac	act	gtc	acc	atc	act	tgc	cgg	gcg	agt	144
Leu	Ser	Thr	Ser	Val	Gly	Asp	Thr	Val	Thr	Ile	Thr	Cys	Arg	Ala	Ser	
		35					40					45				
caa	ggc	att	gac	acg	gag	tta	gcc	tgg	tat	cag	cag	aaa	cca	ggt	aaa	192
Gln	Gly	Ile	Asp	Thr	Glu	Leu	Ala	$\operatorname{Trp}$	Tyr	Gln	Gln	Lys	Pro	Gly	Lys	
	50					55					60					
gcc	ccc	aca	ctc	ctg	atc	tct	gat	gcc	tcc	agg	ttg	cag	acg	ggg	gtc	240
Ala	Pro	Thr	Leu	Leu	Ile	Ser	Asp	Ala	Ser	Arg	Leu	Gln	Thr	Gly	Val	
65					70					75					80	
tca	tct	cgg	ttc	agc	ggc	agt	gga	tct	gga	aca	gat	ttc	act	ctc	acc	288
Ser	Ser	Arg	Phe	Ser	Gly	Ser	Gly	Ser	Gly	Thr	Asp	Phe	Thr	Leu	Thr	
				85					90					95		
atc	aac	agc	ctg	cag	cct	gaa	gat	att	gcg	act	tat	tac	tgt	caa	cag	336
Ile	Asn	Ser	Leu	Gln	Pro	Glu	Asp	Ile	Ala	Thr	Tyr	Tyr	Cys	Gln	Gln	
			100					105					110			
gat	aat	agt	ttt	cca	ctc	act	ttc	ggc	gga	ggg	acc	aag	gtg	gag	atc	384
Asp	Asn		Phe	Pro	Leu	Thr	Phe	Gly	Gly	Gly	Thr	Lys	Val	Glu	Ile	
		115					120					125				
aaa	cga															390
Lys	Arg															

<210> 54

	<2	11>	384													
	<2	12>	DNA													
	<2	13>	Maca	ica c	ynon	nolgu	ıs									
	<2	20>														
	<2	21>	CDS													
	<2	222>	(1).	(3	384)											
	< 4	100>	54													
					ttg											48
	Phe	Ile	Ser		Leu	Leu	Trp	Ile		Gly	Ala	Cys	Gly	_	Ile	
1				5					10					15		
																96
					cca Pro											30
val	nec	1111	20	ser	FIU	Asp	ser	25	мта	vai	ser	nea	30	GIU	AL 9	
			20					23								
gtc	acc	atc	aat	tgt	aag	tcc	agc	cag	agt	ctt	tta	tac	agc	tcc	aac	144
Val	Thr	Ile	Asn	Cys	Lys	Ser	Ser	Gln	Ser	Leu	Leu	Tyr	Ser	Ser	Asn	
		35					40					45				
aat	aag	aac	tac	tta	gcc	tgg	tac	cag	caa	aaa	cca	gga	cag	gct	cct	192
Asn	Lys	Asn	Tyr	Leu	Ala	Trp	Tyr	Gln	Gln	Lys	Pro	Gly	Gln	Ala	Pro	
	50					55					60					
caa	cta	ctc	att	tac	tgg	gca	tct	acc	cgg	gaa	tcc	ggg	gtc	cct	aat	240
	Leu	Leu	Ile	Tyr	Trp	Ala	Ser	Thr	Arg		Ser	Gly	Val	Pro		
65					70					75					80	
					ggc				_							288
Arg	Pne	Ser	GIY		Gly	Ser	GIY	Thr	_	Phe	Thr	Leu	'l'nr	95	Ser	
				85					90					33		
aac	cta	car	act	gaa	gat	ata	aca	atra	tat	tac	ta+	caa	cag	tar	tar	336
- 2	- 5	5			200	200	200	200	- 0.0	- 0.0	- 5 0					

110

Gly Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Tyr

gat	atg	ccc	gac	agt	ttt	ggc	cag	ggg	acc	aaa	gtg	gac	atc	aaa	cga	384
Asp	Met	Pro	Asp	Ser	Phe	Gly	Gln	Gly	Thr	Lys	Val	Asp	Ile	Lys	Arg	
		115					120					125				
	<2	210>	55													
	<2	211>	399													
	<2	212>	DNA													
	<2	213>	Maca	aca o	cynor	nolgı	ıs									
		220>														
		221>														
	<2	222>	(1)	(:	399)											
		100														
		100>														
			cct													48
1	Arg	ьeu	PIO	ro Ala Gln Leu Leu Gly Leu Leu Leu Cys Val Pro 5 10 15							Pro					
_				3					10					15		
gga	tcc	agt.	ggg	gat	att	ata	ato	act	can	tot	cca	ctc	tcc	cta	ccc	96
			Gly													, ,
-			20					25					30			
gtc	atc	cct	gga	cag	cca	gcc	tcc	atc	tcc	tgc	agg	tct	agt	caa	agc	144
Val	Ile	Pro	Gly	Gln	Pro	Ala	Ser	Ile	Ser	Cys	Arg	Ser	Ser	Gln	Ser	
		35					40					45				
ctt	gta	cat	agt	gac	ggg	aaa	acc	tac	ttg	aat	tgg	tta	caa	cag	aag	192
Leu	Val	His	Ser	Asp	Gly	Lys	Thr	Tyr	Leu	Asn	Trp	Leu	Gln	Gln	Lys	
	50					55					60					
cca	ggc	caa	cct	cca	aga	ctc	ctg	att	tat	cag	gtt	tct	aac	cgg	cac	240
	Gly	Gln	Pro	Pro	Arg	Leu	Leu	Ile	Tyr	Gln	Val	Ser	Asn	Arg	His	
65					70					75					80	
tct	ggg	gtc	cca	gac	aga	ttc	agc	ggc	agt	ggg	gca	ggg	aca	gac	ttc	288

85 90 95 aca ctg aaa atc agc aga gtg gag act gag gat gtt ggg gtt tat tcc 336 Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Val Tyr Ser 100 105 tgc gtg caa ggt aca cac tgg ccg tgg acq ttc qqc caa qgq acc aag 384 Cys Val Gln Gly Thr His Trp Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys 115 120 125 gtg gac atc aaa cga 399 Val Asp Ile Lys Arg 130 <210> 56 <211> 384 <212> DNA <213> Macaca cynomolgus <220> <221> CDS <222> (1) ... (384) <400> 56 atg agg gtc ccc get cag ctc etg ggg etc etg etg etc tgg etc eca 48 Met Arg Val Pro Ala Gln Leu Leu Gly Leu Leu Leu Trp Leu Pro 1 5 15 10

ggt gcc ata tgt gac att cag atg tcc cag tct cca tcc tcc ctg tct
Gly Ala Ile Cys Asp Ile Gln Met Ser Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser

get tet gtg gga gac aga gtc acc atc acc tgc egg gca agt eag ggc 144
Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly
35 40 45

ata	act	aat	tat	tta	aac	tgg	tat	cag	cag	aaa	ccg	ggg	aaa	gee	cet	192
Ile	Thr	Asn	Tyr	Leu	Asn	Trp	Tyr	Gln	Gln	Lys	Pro	Gly	Lys	Ala	Pro	
	50					55					60					
aac	ctc	ctg	atc	tat	tat	gca	act	cgt	ttg	gcg	agc	ggg	gtc	cca	tca	240
Asn	Leu	Leu	Ile	Tyr	Tyr	Ala	Thr	Arg	Leu	Ala	Ser	Gly	Val	Pro	Ser	
65					70					75					80	
agg	ttc	agc	ggc	agt	gga	tct	ggg	tcg	gag	tac	agt	ctc	gcc	atc	agc	288
Arg	Phe	Ser	Gly	Ser	Gly	Ser	Gly	Ser	Glu	Tyr	Ser	Leu	Ala	Ile	Ser	
			_	85					90	_				95		
agc	ctq	caq	cct	gaa	gat	ttt	gca	acc	tat	ttc	tqt	caa	cag	ggt	tat	336
				Glu												
			100		-			105	-		-		110			
agg	acc	ccc	tac	act	ttt	aac	caq	aaa	acc	aca	ata	gag	atc	aaa	cga	384
	-			Thr												
_		115	-			-	120	-				125		-	_	
		110														
	<	210>	57													
		211>														
		212>														
				aca	cvno	mola	115									
	-		nac	ucu	Cy110	org	45									
		220>														
		221>	CDC													
				(	3001											
	_	4447	( + )	(	330)											
		400>	c 7													
				~ h ~		aab			a h a	~~~	ata	ana	ata	ata	tgg	48
-	-	-		-		-	_		_							40
	Asp	Mec	AIG		PIO	Ala	GIII	Leu			Leu	Leu	Leu		Trp	
1				5					10					15		
																0.0
			-	_	_	-		_	_						tee	96
ьeu	ьeu	GIV	Ala	. Arg	CVS	ASP	±1€	GIN	. met	nnr	GIR	ser	. rrc	• ser	Ser	

	-
double	1
64.	Ō
à	Д
- House	1
	f
Bion.	Ų
	1
No.	Ų
2	
į,	3
Ł	d
1	÷
1000	ħ
400	
	1

ttg	tct	gca	tct	gta	gga	gac	aga	gtc	acc	atc	act	tgc	caa	gcc	agt	144
Leu	Ser	Ala	Ser	Val	Gly	Asp	Arg	Val	Thr	Ile	Thr	Cys	Gln	Ala	Ser	
		35					40					45				
cag	ggt	att	agc	aac	tgg	tta	gcc	tgg	tat	cag	cag	aaa	ccg	ggg	aaa	192
Gln	Gly	Ile	Ser	Asn	Trp	Leu	Ala	Trp	Tyr	Gln	Gln	Lys	Pro	Gly	Lys	
	50					55					60					
gcc	cct	aag	ctc	ctg	atc	tat	gct	gca	tcc	act	ttc	caa	agt	ggg	gtc	240
Ala	Pro	Lys	Leu	Leu	Ile	Tyr	Ala	Ala	Ser	Thr	Phe	Gln	Ser	Gly	Val	
65					70					75					80	
cca	tca	agg	ttc	agc	ggc	agt	gga	tct	ggg	aca	gag	ttc	act	ctc	acc	288
Pro	Ser	Arg	Phe	Ser	Gly	Ser	Gly	Ser	Gly	Thr	Glu	Phe	Thr	Leu	Thr	
				85					90					95		
atc	agc	agc	ctg	cag	cct	gaa	gat	ttt	gca	act	tac	tac	tgt	caa	cag	336
Ile	Ser	Ser		Gln	Pro	Glu	Asp	Phe	Ala	Thr	Tyr	Tyr	Суѕ	Gln	Gln	
			100					105					110			
		act										-	-			384
Tyr	Asn	Thr	Tyr	Pro	Leu	Thr		Gly	Gly	Gly	Thr	_	Val	Glu	Ile	
		115					120					125				
																390
	cga															390
ьys	Arg															
	130															
	<	210>	58													
		211>														
		212>														
		213>			cvno	mola	us									

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(390)

		< 4	100>	28													
at	g	gac	ttg	agg	gcc	ccc	gct	cat	ctc	cta	ggg	ctc	ctg	ctg	ctc	tgg	48
Мe	et	Asp	Leu	Arg	Ala	Pro	Ala	His	Leu	Leu	Gly	Leu	Leu	Leu	Leu	Trp	
1	L				5					10					15		
ct	c	cca	ggt	gcc	aga	ggt	gac	atc	cag	atg	acc	cag	tct	cca	CCC	tcc	96
Le	eu	Pro	Gly	Ala	Arg	Gly	Asp	Ile	Gln	Met	Thr	Gln	Ser	Pro	Pro	Ser	
				20					25					30			

ctg tct gcg tct gtt ggg gac act gtc agt ctt act tgt cgg gca agt Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Thr Val Ser Leu Thr Cys Arg Ala Ser 35

192 cag cct att ggc agt aat tta aat tgg ttc cag caa aaa cct ggg agc Gln Pro Ile Gly Ser Asn Leu Asn Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Ser 50 55 60

ccc ccc aga ctc ctg atc tac ctt gcg acc gcc ttg caa cgt ggg atc 240 Pro Pro Arg Leu Leu Ile Tvr Leu Ala Thr Ala Leu Gln Arg Gly Ile 65 70 75

288 ccg tca agg ttt agc gcc act gga tct caa acc aat ttc act ctc acg Pro Ser Arg Phe Ser Ala Thr Gly Ser Gln Thr Asn Phe Thr Leu Thr 85 90 95

atc acc ggc ctg cag cct gag gat ttc gca act tac ctc tgt ctg caa 336 Ile Thr Gly Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Leu Cys Leu Gln 100 105 110

cat act tot tac cca ttc act ttt ggc ccc ggg aca aag gtg gat atc 384 His Thr Ser Tyr Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile 115 120 125

aag cga 390

```
Lys Arg
```

```
<210> 59
<211> 88
<212> PRT
<213> Macaca cynomolgus
<220>
<221> DOMAIN
<222> (24)...(34)
<223> CDRI

<221> DOMAIN
<223> CDRI

<221> DOMAIN
<223> CDRI
```

<400> 59

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Thr Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Asp Thr Glu

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Thr Leu Leu Ile 35 40 45

Ser Asp Ala Ser Arg Leu Gln Thr Gly Val Ser Ser Arg Phe Ser Gly

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asn Ser Leu Gln Pro 65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys

85

<210> 60 <211> 94

<212> PRT

<213> Macaca cynomolgus

```
<220>
     <221> DOMAIN
     <222> (24)...(40)
     <223> CDRI
     <221> DOMAIN
     <222> (56)...(62)
     <223> CDRII
     <400> 60
Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1
                                    10
Glu Arg Val Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Ser
                                25
Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
        35
                            40
                                                45
Ala Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
                        55
                                            60
Pro Asn Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
                                        75
                                                           80
                   7.0
Ile Ser Gly Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys
                                    90
                85
      <210> 61
      <211> 93
      <212> PRT
      <213> Macaca cynomolgus
      <220>
```

-2215

<221> DOMAIN

<222> (24)...(39)

<223> CDRI

<221> DOMAIN

<222> (54)...(61)

<223> CDRII

<400> 61 Asp Val Val Met Thr Gln Ser Pro Leu Ser Leu Pro Val Ile Pro Gly 10 Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser 25 30 Asp Gly Lys Thr Tyr Leu Asn Trp Leu Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro 3.5 40 Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gln Val Ser Asn Arg His Ser Gly Val Pro 55 60 Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ala Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile 70 75 65 Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Val Gly Val Tyr Ser Cys 85 90 · <210> 62 <211> 88 <212> PRT <213> Macaca cynomolgus <220> <221> DOMAIN <222> (24)...(34) <223> CDRI <221> DOMAIN <222> (50)...(56) <223> CDRII <400> 62 Asp Ile Gln Met Ser Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly 1 5 10 Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Thr Asn Tyr 25

20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Asn Leu Leu Ile
35 40 45

Tyr Tyr Ala Thr Arg Leu Ala Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Ser Glu Tyr Ser Leu Ala Ile Ser Ser Leu Gln Pro 65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Phe Cys

85

<210> 63 <211> 88

<212> PRT

<213> Macaca cynomolgus

<220>

<221> DOMAIN

<222> (24)...(34)

<223> CDRI

<221> DOMAIN

<222> (50)...(56)

<223> CDRII

<400> 63

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15

1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Trp

20 25 30

20 25

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile  ${\rm 35} \qquad \qquad {\rm 40} \qquad \qquad {\rm 45} \ .$ 

Tyr Ala Ala Ser Thr Phe Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly 50 60

Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys

85

<210> 64

<211> 88

<212> PRT

<213> Macaca cynomolgus

5

```
<220>
     <221> DOMAIN
     <222> (24)...(34)
     <223> CDRI
     <221> DOMAIN
     <222> (50)...(56)
     <223> CDRII
     <400> 64
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Pro Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
                                    1.0
Asp Thr Val Ser Leu Thr Cys Arg Ala Ser Gln Pro Ile Gly Ser Asn
                                                     30
                                25
Leu Asn Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Ser Pro Pro Arg Leu Leu Ile
        35
                            40
Tyr Leu Ala Thr Ala Leu Gln Arg Gly Ile Pro Ser Arg Phe Ser Ala
                        55
Thr Gly Ser Gln Thr Asn Phe Thr Leu Thr Ile Thr Gly Leu Gln Pro
                                                             80
65
                                        75
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Leu Cys
                85
      <210> 65
      <211> 360
      <212> DNA
      <213> Rat
      <220>
       <221> CDS
      <222> (1)...(360)
       <400> 65
gac acg gtg ctg acc cag tct cct gct ttg gct gtg cct cca gga gag
Asp Thr Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala Leu Ala Val Pro Pro Gly Glu
```

10

48

agg	gtt	acc	gtc	tcc	tgt	agg	gcc	agt	gaa	agt	gtc	agt	aca	ttt	ttg	96
Arg	Val	Thr	Val	Ser	Cys	Arg	Ala	Ser	Glu	Ser	Val	Ser	Thr	Phe	Leu	
			20					25					30			
cac	tgg	tat	caa	cag	aaa	cca	gga	cat	caa	ccc	aaa	ctc	ctc	atc	tat	144
His	Trp	Tyr	Gln	Gln	Lys	Pro	Gly	His	Gln	Pro	Lys	Leu	Leu	Ile	Tyr	
		35					40					45				
cta	gcc	tca	aaa	cta	gaa	tct	ggg	gtc	cct	gcc	agg	ttc	agt	ggc	ggt	192
Leu	Ala	Ser	Lys	Leu	Glu	Ser	Gly	Val	Pro	Ala	Arg	Phe	Ser	Gly	Gly	
	50					55					60					
ggg	tct	ggg	aca	gac	ttc	acc	ctc	acc	att	gat	cct	gtg	gag	gct	gat	240
Gly	Ser	Gly	Thr	Asp	Phe	Thr	Leu	Thr	Ile	Asp	Pro	Val	Glu	Ala	Asp	
65					70					75					80	
													cct			288
Asp	Thr	Ala	Thr	Tyr	Tyr	Cys	Gln	Gln	Thr	Trp	Asn	Asp	Pro			
				85					90					95		
													gct			336
Phe	Gly	Gly			Lys	Leu	Glu			Arg	Ala	Asp	Ala		Pro	
			100					105					110			
	-		atc													360
Thr	Val		Ile	Phe	Pro	Pro										
		115					120									
		210>														
			360													
			DNA													
	*	:213	- Rat													
		<220:														
			· CDS	,												
		-221:	> CDS	,												

<222> (1)...(360)

<400> 66

48 gag gtc cag ctg cag cag tct gga cct gag gtt ggg agg cct ggg tcc Glu Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Pro Glu Val Gly Arg Pro Gly Ser 15 1 5 10 96 tca gtc aag att tct tgc aag gct tct ggc tac acc ttt aca gat tac Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr 20 25 gtt ttg aat tgg gtg aag cag agt cct gga cag gga ctg gaa tgg ata 144 Val Leu Asn Trp Val Lys Gln Ser Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile 35 40 gga tgg att gat cct gac tat ggt act act gat tat gct gag aag ttc 192 Gly Trp Ile Asp Pro Asp Tyr Gly Thr Thr Asp Tyr Ala Glu Lys Phe 50 55 60 aaa aag aag gee aca etg act gea gat aca tee tee age aca gee tae 240 Lys Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Thr Ser Ser Ser Thr Ala Tyr 80 65 7.0 75 288 atc cag ctt agc agc ctg aca tct gag gac aca gcc acc tat ttt tgt Ile Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Thr Tyr Phe Cys 95 90 85 336 get aga tet agg aat tae gga gga tat att aat tae tgg gge caa gga Ala Arg Ser Arg Asn Tyr Gly Gly Tyr Ile Asn Tyr Trp Gly Gln Gly 100 105 110 360 gte atg gte aca gte tee tea get

<210> 67

115

Val Met Val Thr Val Ser Ser Ala

<211> 109

<212> PRT

<213> Pan troglodytes

<400> 67

Ala Val His Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly 1.0

Asp Ser Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Thr Ile Asn Ile Tyr 20 25

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile 35 40

Phe Asp Ala Ser Ile Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Ser Leu Thr Ile Arg Ser Leu Gln Pro 70 75

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Cys Gly Trp Gly Thr His Pro 85 9.0

Tyr Asn Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Arg 105

100

<210> 68 <211> 108

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> rat/chimpanzee sequence

<400> 68

Asp Thr Val Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly 1 10 5

Asp Ser Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Glu Ser Val Ser Thr Phe 25

Leu His Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile 40

Tyr Leu Ala Ser Lys Leu Glu Ser Gly Val Pro Ala Arg Phe Ser Gly 50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Ser Leu Thr Ile Arg Ser Leu Gln Pro 65 70 Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Thr Trp Asn Asp Pro Arg 95 90 8.5 Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Arg 100 1.05 <210> 69 <211> 128 <212> PRT <213> Pan troglodytes <400> 69 Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Gly 10 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asp Asp Phe 25 20 Ala Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile Ser Leu Val Ser Trp Asp Ser Tyr Asn Ile Tyr His Ala Asp Ser Val 50 55 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Arg Asn Ser Leu Tyr 70 75 Leu Gln Met Asn Asp Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Ile Tyr Phe Cys 85 Ala Lys Ala Asp Thr Gly Gly Asp Phe Asp Tyr Val Ser Asp Ser Trp 100 105 Arg Cys Ala Leu Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser 125 115 120

<210> 70

<211> 118

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> rat/chimpanzee sequence

	<4	<00	70													
Glu	Val	Gln	Leu	Val	Glu	Ser	Gly	Gly	Gly	Val	Val	Gln	Pro	Gly	Gly	
1				5					10					15		
Ser	Leu	Arg	Leu	Ser	Cys	Ala	Ala	Ser	Gly	Tyr	Thr	Phe	Thr	Asp	Tyr	
			20					25					30			
Val	Leu	Asn	Trp	Val	Lys	Gln	Ala	Pro	Gly	Lys	Gly	Leu	Glu	Trp	Ile	
		35					40					45				
Gly	Trp	Ile	Asp	Pro	Asp	Tyr	Gly	Thr	Thr	Asp	Tyr	Ala	Glu	Lys	Phe	
	50					55					60					
Lys	Lys	Lys	Ala	Thr	Leu	Ser	Ala	Asp	Thr	Ser	Arg	Asn	Ser	Ala	Tyr	
65					70					75					80	
Leu	Gln	Met	Asn	Asp	Leu	Arg	Pro	Glu	Asp	Thr	Ala	Ile	Tyr	Phe	Cys	
				85					90					95		
Ala	Arg	Ser	Arg	Asn	Tyr	Gly	Gly	Tyr	Ile	Asn	Tyr	Trp	Gly	Gln	Gly	
			100					105					110			
Thr	Leu	Val	Thr	Val	Ser											
		115														
	<	210>	71													
	<	211>	354													
	<	212>	DNA													
	<	213>	Mur	ine												
	<	:220>														
	<	:221>	CDS													
	<	(222>	(1)	(	354)											
		<400>														
															g gcc	
Glı	ı Val	L Glr	n Leu		n Glr	n Sei	r Gly	/ Ala			u Me	t Ly:	s Pr		y Ala	
1				5					10	)				15	5	
																: 96
															c tac	
Se:	r Val	l Ly:	s Ile	Se:	r Cys	s Ly.	s Ala	a Th	r Gl	у Ту	r Th	r Ph	e Se	r Se	r Tyr	

tgg	ata	gag	tgg	gta	aag	cag	agg	cct	gga	cat	ggc	ctt	gag	tgg	att	144
Trp	Ile	Glu	Trp	Val	Lys	Gln	Arg	Pro	Gly	His	Gly	Leu	Glu	Trp	Ile	
		35					40					45				
gga	gag	att	tta	cct	aga	agt	ggt	aat	act	aac	tac	aat	gag	aag	ttc	192
Gly	Glu	Ile	Leu	Pro	Arg	Ser	Gly	Asn	Thr	Asn	Tyr	Asn	Glu	Lys	Phe	
	50					55					60					
aag	ggc	aag	gcc	aca	ttc	act	gca	gaa	aca	tcc	tcc	aac	aca	gcc	tac	240
Lys	Gly	Lys	Ala	Thr	Phe	Thr	Ala	Glu	Thr	Ser	Ser	Asn	Thr	Ala	Tyr	
65					70					75					80	
atg	caa	ctc	agc	agc	ctg	aca	cct	gag	gac	tct	gcc	gtc	tat	tac	tgt	288
Met	Gln	Leu	Ser	Ser	Leu	Thr	Pro	Glu	Asp	Ser	Ala	Val	Tyr	Tyr	Cys	
				85					90					95		
tca	agt	cgc	ggc	gtc	agg	ggc	tct	atg	gac	tac	tgg	ggt	caa	gga	acc	336
Ser	Ser	Arg	Gly	Val	Arg	Gly	Ser	Met	Asp	Tyr	Trp	Gly	Gln	Gly	Thr	
			100					105					110			
tca	gtc	acc	gtc	tcc	tca											354
Ser	Val	Thr	Val	Ser	Ser											
		115														
	. <	210>	72													
	<	211>	324													
	<	212>	DNA													
	<	213>	Mur	ine												
	<	220>														
		221>														
	<	:222>	(1)	(	324)											
		400														4.0
															g gga	48
Asp	) Ile	e Glr	ı Met	: Thi	: Glr	Thr	Th:	: Sei	: Ser	: Let	ı Se:	r Ala	a Se:	r Lei	ı Gly	

240

gac	aga	gtc	acc	atc	act	tgc	agg	tca	agt	cag	gac	att	agc	aat	ttt	96
Asp	Arg	Val	Thr	Ile	Thr	Cys	Arg	Ser	Ser	Gln	Asp	Ile	Ser	Asn	Phe	
			20					25					30			
tta	aac	tgg	tat	cag	cag	aaa	cca	gat	gga	act	gtt	aaa	ctc	ctg	atc	144
Leu	Asn	Trp	Tyr	Gln	Gln	Lys	Pro	Asp	Gly	Thr	Val	Lys	Leu	Leu	Ile	
		35					40					45				
tac	tac	aca	tca	aca	tta	cac	tca	gga	gtc	cca	tca	agg	ttc	agt	ggc	192
Tyr	Tyr	Thr	Ser	Thr	Leu	His	Ser	Gly	Val	Pro	Ser	Arg	Phe	Ser	Gly	
	50					55					60					

agt ggg tot gga aca gat tat tot oto aco att ago aac otg gag caa Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Asn Leu Glu Gln 65 70 75 80

gaa gat att gcc act tac ttt tgc caa cag ggt aat acg ctt cct tgg 288
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp
85 90 95

acg ttc ggt gga ggc acc aac ctg gaa atc aaa cgg 324
Thr Phe Gly Gly Gly Thr Asn Leu Glu Ile Lys Arg
100 105

<210> 73

<211> 108

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> murine/chimpanzee sequence

<400> 73

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

10 1 Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ser Ser Gln Asp Ile Ser Asn Phe 25 Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile 40 Tyr Tyr Thr Ser Thr Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly 55 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro 70 75 Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp 85 Thr Phe Glv Glv Glv Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg 100 105 <210> 74 <211> 118 <212> PRT <213> Artificial Sequence <220> <223> murine/chimpanzee sequence <400> 74 Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ser Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Ser Ser Tyr 20 25 Trp Ile Glu Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Glu Ile Leu Pro Arg Ser Gly Asn Thr Asn Tyr Asn Glu Lys Phe 55 Lys Gly Lys Ala Ser Phe Asn Ala Asp Thr Ser Thr Asn Ile Ala Tyr 75 70 Met Glu Leu Thr Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys 95 85 9.0 Ser Ser Arg Gly Val Arg Gly Ser Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr 100 105 110

Leu V		Thr V	/al s	Ser S	Ser											
	<2	10> '	75													
	<2	11>	360													
	<2	12>	DNA													
	<2	13>	Muri	ne												
	<2	20>														
	<2	21>	CDS													
	<2	22>	(1).	(3	60)											
		00>														
caa	gtt	cag	ctt	caa	cag	cct	ggg	gct	gag	ctt	gtg	aag	tct	ggg	gcc	48
Gln	Val	Gln	Leu	Gln	Gln	Pro	Gly	Ala	Glu	Leu	Val	Lys	Ser		Ala	
1				5					10					15		
									ggc							96
Ser	Val	Lys	Leu	Ser	Cys	Lys	Ala	Ser	Gly	Ser	Thr	Phe	Thr	Ser	Tyr	
			20					25					30			
									gga							144
Trp	Met	His	Trp	Val	Lys	Gln	Arg	Pro	Gly	Arg	Gly		Glu	Trp	Ile	
		35					40					45				
																400
									act							192
Gly	Arg	Ile	Asp	Pro	Asn	Ser	Gly	Gly	Thr	Lys		Asn	Glu	Lys	Phe	
	50					55					60					
																240
															tac	240
Lys	Ser	: Lys	Ala	Thr			Val	Ası	Lys			Ser	Thr	Ala	Tyr	
65	5				70	)				75	5				80	

atg cag etc age ege etg aca tet gag gae tet geg gte tat tat tgt

Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys

85

288

gca	aga	gag	acc	tac	tat	gat	tcc	tcg	ttt	gct	tac	tgg	gg	c	caa	ggg	33	6
						Asp												
			100					105					11					
act	ctg	gtc	act	gtc	tct	gca	gcc										3 6	0
Thr	Leu	Val	Thr	Val	Ser	Ala	Ala											
		115					120											
	<	210>	76															
	<	211>	336															
	<	212>	DNA															
	<	213>	Mur	ine														
	<	220>																
	<	221>	CDS															
	<	222>	(1)	(	336)													
	<	400>	76															
gat	att	gtt	atg	act	cag	tct	caa	aaa	a tto	ate	g tc	c ac	a t	ca	gta	gga		48
Asp	Ile	val	Met	Thr	Glr	Ser	Glr	Lys	s Phe	e Me	t Se	r Th	ır S	er	Va1	Gly		
1				5					10	)					15			
						tgc												96
Asp	Arg	y Vai	l Ser	. Val	Thi	Cys	Lys	8 Ala	a Se	r Gl	n As	n V	al G	lу	Thi	Asr		
			20	)				2	5					30				
						g aas												L44
Val	Al	a Tr	p Ty:	r Gl	n Gla	n Lys	Pr	o G1	y Gl	n Se	r Pi			la	Le	ı Ile	2	
		3	5				4	0					45					
																		192
						g tad												192
Ту	r Se	r Al	a Se	r Ty	r Ar	g Ty		r Gl	y Va	l Pr			rg I	Phe	Th	r GI		
	5	0				5	5					50						
																		240
						t tt												246
Se	r Gl	y Se	r Gl	y Th	r As	p Ph	e Th	r Le	eu Th	ır I	le S	er P	sn '	Va]	L Gl	n se	r	

gaa gac ttg gca gag tat ttc tgt cag caa tat aac agc tat cct ctc Glu Asp Leu Ala Glu Tyr Phe Cys Gln Gln Tyr Asn Ser Tyr Pro Leu

95 90 85

acg ttc ggt gct ggg acc aag ctg gag ctg aaa cgg gct gat gct gca Thr Phe Gly Ala Gly Thr Lys Leu Glu Leu Lys Arg Ala Asp Ala Ala 110 105 100

336

288

<210> 77

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> murine/chimpanzee sequence

<400> 77

Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly 10 5

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Lys Ala Ser Gln Asn Val Gly Thr Asn 30 25

Val Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Ala Leu Ile 40 45 35

Tyr Ser Ala Ser Tyr Arg Tyr Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly 55

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro 70 75 65

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asn Ser Tyr Pro Leu 90 85

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

105 100

<210> 78

<211> 118

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> murine/chimpanzee sequence

<400> 78

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ser

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Ser Thr Phe Thr Ser Tyr

Trp Met His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

Gly Arg Ile Asp Pro Asn Ser Gly Gly Thr Lys Asp Asn Glu Lys Phe 50 60

Lys Ser Lys Ala Thr Leu Asn Val Asp Lys Ser Thr Asn Ile Ala Tyr
65 70 75 80

Met Glu Leu Thr Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys 85 90 95

Ala Arg Glu Thr Tyr Tyr Asp Ser Ser Phe Ala Tyr Trp Gly Gln Gly  $100 \hspace{1.5cm} 105 \hspace{1.5cm} 110 \hspace{1.5cm}$ 

Thr Met Val Thr Val Ser

115

<210> 79

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> murine/human sequence

<400> 79

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala 1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Ser Thr Phe Thr Ser Tyr
20 25 30

Trp Met His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile 40 Gly Arg Ile Asp Pro Asn Ser Gly Gly Thr Lys Asp Asn Glu Lys Phe 60 55 Lys Ser Lys Ala Thr Leu Thr Val Asp Lys Ser Thr Ser Thr Ala Tyr 7.0 75 Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys 9.0 85 Ala Arg Glu Thr Tyr Tyr Asp Ser Ser Phe Ala Tyr Trp Gly Gln Gly 105 110 Thr Met Val Thr Val Ser Ala 115 <210> 80 <211> 102 <212> PRT <213> Artificial Sequence <220> <223> murine/human sequence <400> 80 Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly 5 10 Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Lys Ala Ser Gln Asn Val Gly Thr Asn 25 30 20 Val Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Ala Leu Ile 40 Tyr Ser Ala Ser Tyr Arg Tyr Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly 55 50 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro 75 70 65 Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asn Ser Tyr Pro Leu

Thr Phe Gly Gly Gly Thr

9.0

```
<210> 81
     <211> 11
     <212> PRT
     <213> Pan troglodytes
     <400> 81
Trp Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser
1
                 5
                                  10
     <210> 82
     <211> 11
     <212> PRT
     <213> Pan troglodytes
     <400> 82
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
1
                                   10
     <210> 83
      <211> 11
     <212> PRT
     <213> Pan troglodytes
      <400> 83
Trp Gly Pro Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
1
                 5
                                   10
      <210> 84
      <211> 11
      <212> PRT
      <213> Pan troglodytes
      <400> 84
Trp Gly Gln Gly Ile Leu Val Thr Val Ser Ser
 1
                 5
                                  10
      <210> 85
```

```
<211> 11
     <212> PRT
     <213> Pan troglodytes
     <400> 85
Trp Gly Arg Gly Ile Leu Val Ile Val Ser Ser
                                   10
     <210> 86
     <211> 11
      <212> PRT
      <213> Pan troglodytes
      <400> 86
Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys Arg
                                   10
 1
     <210> 87
      <211> 11
      <212> PRT
      <213> Pan troglodytes
      <400> 87
Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Arg
                                    10
      <210> 88
      <211> 11
      <212> PRT
      <213> Macaca cynomolgus
       <400> 88
 Trp Gly Arg Gly Val Leu Val Thr Val Ser Ser
                                    10
  1
       <210> 89
       <211> 11
```

```
<212> PRT
      <213> Macaca cynomolgus
      <400> 89
Trp Gly Gln Gly Val Gln Val Thr Val Ser Ser
                 5
                                   10
     <210> 90
      <211> 11
     <212> PRT
     <213> Macaca cynomolgus
      <400> 90
Trp Gly Pro Gly Val Met Val Thr Val Ser Ser
                 5
                                    10
     <210> 91
     <211> 11
     <212> PRT
     <213> Macaca cynomolgus
      <400> 91
Trp Gly Arg Gly Leu Leu Val Thr Val Ser Ser
1
                 5
                                   10
     <210> 92
     <211> 11
     <212> PRT
     <213> Macaca cynomolgus
      <400> 92
Trp Gly Gln Gly Val Leu Val Thr Val Ser Ser
                                   10
      <210> 93
      <211> 11
     <212> PRT
```

## <213> Macaca cynomolgus

<400> 93

Trp Gly Gln Gly Leu Arg Val Thr Val Ser Ser

<210> 94

<211> 11

<212> PRT

<213> Macaca cynomolgus

<400> 94

Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg

1 5 10

<210> 95

<211> 11

<212> PRT

<213> Macaca cynomolgus

<400> 95

Phe Gly Gln Gly Thr Thr Val Glu Ile Lys Arg

5 10

<210> 96

<211> 11

<212> PRT

<213> Macaca cynomolgus

<400> 96

Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg

1 5 10

<210> 97

<211> 11

<212> PRT

<213> Pan troglodytes

<400> 97

Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg
1 5 10